



Ecole nationale Vétérinaire
d'Alfort

MASTER 2EME ANNEE
Santé publique Paris XI et Sciences et santé Paris XII
SPECIALITE
**SURVEILLANCE EPIDEMIOLOGIQUE DES
MALADIES HUMAINES ET ANIMALES**

RAPPORT DE STAGE

DISPERSION DE PATHOGENES EN RELATION AVEC LA MOBILITE ANIMALE

Présenté par

Caroline Coste

Réalisé sous la direction de : Renaud Lancelot

Organisme et pays : CIRAD, Montpellier, France

Période du stage : 03/01/2011 – 15/06/2011

Date de soutenance : 28/06/2011

Année universitaire 2010-2011

Dispersion de pathogènes en relation avec la mobilité animale

Résumé

Durant les dernières décennies, la distribution géographique des maladies dues à agents infectieux s'est considérablement étendue. Les crises sanitaires résultantes ont été l'occasion d'une réflexion approfondie sur les causes et les circonstances d'apparition, de développement de ces pathogènes.

Si l'influence des changements écologiques sur les risques d'épizootie/épidémie est manifeste, d'autres hypothèses ont été émises pour tenter d'expliquer la réémergence de ces maladies ainsi que la propagation de ces pathogènes dans des zones autrefois épargnées. Avec la mondialisation et par conséquent l'intensification du commerce international, les risques, en terme de maladies, induits par ces échanges sont une réalité.

Un autre élément à prendre en compte dans l'augmentation significative d'apparition ou d'émergence de ces maladies est l'évolution récente des techniques de diagnostics. Aujourd'hui, ces techniques sont très poussées et les analyses moléculaires permettent non seulement de détecter mais aussi de caractériser génétiquement des virus ou bactéries. En confirmant des similitudes ou au contraire des différences entre des souches de différents échantillons, ces études de séquences génétiques, montrent que des virus pourtant endémiques à certains pays, se propagent au delà des frontières, voire à d'autres continents.

Il est fondamental d'exploiter au mieux les informations générées par ces laboratoires pour faciliter la compréhension des flux d'agents pathogènes pour consécutivement, prendre des mesures de contrôle et limiter leur diffusion. Pour améliorer la connaissance des facteurs épidémiologiques impliqués dans la diffusion de maladies infectieuses, il est également important de rassembler des données sur les facteurs d'émergences des maladies animales et zoonotiques, d'en vérifier la qualité et l'homogénéité, et de les rendre disponibles pour des analyses épidémiologiques, en s'intéressant notamment à la mobilité animale.

L'objectif de ce travail consiste à croiser les informations obtenues par les analyses génétiques effectuées sur des pathogènes identifiés dans des foyers géoréférencés, avec des données disponibles sur les mouvements des animaux (commerciales ou de transhumance) afin de mettre en évidence une corrélation possible et de conforter des hypothèses explicatives sur l'apparition de ces maladies.

En d'autres termes, en cas d'émergence ou de ré-émergence d'un pathogène dans un territoire indemne ou de statut inconnu, le système pourra être utilisé pour orienter les investigations sur l'origine de l'introduction de pathogènes, ou focaliser la surveillance et le contrôle pour éviter d'autres introductions. Cependant, il sera rarement possible de conclure à des relations de cause à effet.

Mots-clés :

Epidémiologie moléculaire, mobilité animale, émergence, pathogène, Afrique, cartographie.

Remerciements

- Au docteur Renaud Lancelot, pour sa confiance et son implication dans mon travail. Son encadrement a été très formateur et très précieux.
- Aux équipes de l'UMR CMAEE du Cirad, pour leur accueil et leur appui.
- Au docteur Barbara Dufour pour m'avoir donné la possibilité de suivre cette formation.
- Un grand merci aux personnes suivantes pour m'avoir donné de l'information, des contacts ou de l'aide pour ce travail :
 - Maison de la télédétection : Annelise Tran, Alain Clopes.
 - CIRAD, UMR AGIRS: Marie Gély
 - CIRAD, UMR SELMET : Pascal Bonnet, Alary Véronique
 - CIRAD, DIST : Alain Glarmet, Annie Marty
 - CIRAD, UMR TETIS : Vincent Bonnal

Sommaire

Résumé	i
Remerciements.....	ii
Synthèse bibliographique.....	3
1. Relation mobilité animale / santé animale.....	4
2. Connaissances sur les mouvements des petits ruminants.....	6
Politique et cadre juridique.....	7
Commerce transfrontalier et transhumance	7
Commerce international	8
3. Techniques les plus récentes concernant la représentation spatiales : quelles méthodes de représentation ? Quels outils ?	9
Etat des lieux des méthodes de représentation de données spatio-temporelles.....	9
Etat de l'art des technologies dans le domaine du logiciel libre et du web mapping	11
La carte dynamique, coté client	11
Le serveur cartographique, coté serveur	11
Les web services, orientés cartographie.....	12
Références bibliographiques	12
Références Internet.....	14
Travail personnel	16
Introduction	16
Contexte.....	16
L'UMR CMAEE	16
Détection du matériel génétique / caractérisation des pathogènes.....	17
Généralités sur les maladies concernées.....	17
Peste des petits ruminants, PPR	17
Péripleumonie contagieuse caprine.....	17
Fièvre de la Vallée du Rift	18
Maladie de Newcastle	18
Mobilité animale	19
Commerce international	19
Commerce transfrontalier	20
Transhumance	20
Matériel et méthodes	20
1. Partie descriptive : données existantes.	22
1.1 Informations distribution pathogènes	22
1.1.1 OIE	22
1.1.2 Laboratoires de références	22
1.2 Informations "Mouvements des animaux"	25
1.2.1 Couches SIG.....	25
1.2.2 Bases de données internationales	25
1.2.3 Bibliographie	26

2. Méthodes	27
2.1 Démarche	27
2.2 Outils	27
2.3 Méthodes	29
2.3.1. Modéliser les données génétiques	29
2.3.2. Modéliser le mouvement animal	30
2.3.3. Connaître la dissémination des pathogènes et leur déplacements	31
2.3.4. Animation spatio-temporelle	32
3.2.3 Indicateurs “Risques potentiels”	33
Résultats	34
Fièvre de la Vallée du Rift	34
Péritneumonie contagieuse caprine	36
PPR	38
Maladie de Newcastle	41
Discussion	42
Simplicité et Lisibilité	42
Qualité / validité des données	42
Intérêt et limites	44
Conclusion	45
Perspectives :	45
Annexes	47
Liste des abréviations	47
Liste des figures et tableaux	48
Systèmes d’information des marchés	49
Bibliothèques de couches (layers) SIG	52
Extraits de Genbank	53

Synthèse bibliographique

L'objectif de cette synthèse est de réaliser une revue des publications en s'intéressant :

- à la relation mobilité animale / santé animale
- aux connaissances sur les mouvements commerciaux et de transhumance des petits ruminants
- à la représentation cartographique de la mobilité

Cette synthèse scientifique a été réalisée en partie à partir de moteurs de recherche fédérée permettant d'interroger de nombreuses sources d'informations et offrant des systèmes de veille. Les bibliothèques du Cirad mettent à disposition des fonds documentaires spécialisés en agronomie tropicale et en sciences connexes (Agritrop du Cirad : <http://agritrop.cirad.fr/>)

Mais d'autres informations ont été trouvées via des bases de données externes :

- ScienceDirect : <http://www.sciencedirect.com/>
- PubMed et GenBank: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed>
- La base de données documentaire de l'OIE : <http://www.oie.int/doc/index.php>
- Journal of Infectious Diseases: <http://jid.oxfordjournals.org/>
- Center for Diseases Control, Emerging Infectious Diseases: <http://www.cdc.gov/ncidod/eid/>

La Diffusion Sélective de l'Information (DSI) du Cirad est un service de veille documentaire signalant les publications récentes dans les domaines de son choix. Les agents Cirad peuvent définir des mots-clés et souscrire des abonnements (DSI) pour recevoir par mail des références sélectionnées dans les bases de données internationales et sur le Web.

Deux DSI ont été créés sur :

1. la "Cartographie de la mobilité" avec les mots clés :
 - SIG modèles représentation flux / flow patterns representation GIS
 - représentation mobilité / mobility representation
 - cartographie mouvements animaux / mapping animal movements
 - cartographie spatio-temporelle / spatio-temporal mapping
 - représentation couloir migration / corridor migration representation
 - multi level networks / mapping or cartography or representation or modelling
 - réseaux multiniveaux / représentation ou cartographie ou représentation ou modélisation
 - connectivity / representation/connectivité et représentation
 - representation & circulation dynamics /représentation & dynamique des circulations
2. la "Mobilité des animaux d'élevage en Afrique" avec les mots clés :
 - Bétail animaux de rente / Livestock / farm animals
 - ruminants, ovine, caprine, bovin / sheep, goat, cattle
 - Livestock Routes / Livestock Transhumance routes / Livestock Migration routes / Seasonal migrations of livestock / Rearing routes / Cattle drives
 - Livestock marketing routes / Livestock international trade
 - cattle mobility / livestock mobility / herd mobility /pastoral mobility

Afin de limiter le volume des réponses, pour ces deux requêtes bibliographiques, le champ géographique a été réduit à l'Afrique et les résultats limités aux 5 dernières années.

1. Relation mobilité animale / santé animale

Selon **Fèvre et al. 2006**, même sur de longues distances, ces mouvements d'animaux sont d'une importance majeure. Pour eux, une approche au niveau mondial est nécessaire pour comprendre les maladies par espèce et par pays, mais doit être complétée par la connaissance des espèces et de l'information à petite échelle sur un pays d'origine.

De nombreuses méthodes ont été mises au point pour appréhender la circulation de ces maladies et les modéliser. L'analyse des réseaux sociaux, ou Social Network Analysis (SNA), fait partie des méthodes récentes en épidémiologie. Beaucoup de ces travaux montrent l'importance de la mobilité animale dans la propagation des maladies à différentes échelles.

Bigras-Poulin et al. 2006 ont eux utilisés les mouvements des porcs au Danemark afin de mettre en évidence le rôle important des marchés d'animaux vivants. **Gilbert et al. 2005** a quantifié l'association entre les mouvements en zones infectées et la répartition de la tuberculose bovine en Grande Bretagne. **Natale et al. 2009** ont modélisé des épizooties pour montrer l'importance de la structure du réseau des mouvements commerciaux de bétail sur la taille et la dynamique d'une épidémie. Cela démontre encore le risque associé au mouvement à grande échelle des animaux au delà des frontières nationales.

D'autres études, basées sur des analyses phylogéniques, montrent que les virus ou bactéries pourtant endémiques à certains pays, se propagent à d'autres continents. Les équipes de l'UMR CMAEE disposent de données génétiques des maladies telles que la PPCC, la PPR, la FVR et la maladie de Newcastle. Seules ces maladies sont passées en revue.

Peste des petits ruminants, PPR

Banyard et al. 2010 passent en revue la propagation du virus **PPRV** en compilant les soumissions faites à l'OIE et les résultats de diagnostics des laboratoires de référence. Ils représentent la distribution des souches dans leurs différents génogroupes, 4 connus, de l'Afrique à l'Asie en passant par l'Europe. **Kwiatek et al. 2007** grâce à une méthode de génotypage (basée sur le gène N-protéine) suggèrent que les groupes probablement originaires d'un ancêtre commun ont évolué indépendamment sur une période prolongée dans des zones distinctes. En tout état de cause, la distribution des souches dans leurs différents génogroupes s'oppose à l'hypothèse de la propagation de l'infection au cours des dernières décennies d'Ouest en Est. La présence de quatre génotypes distincts fait penser que la maladie peut avoir été introduite en Asie, au Moyen-Orient et en Afrique bien avant l'isolement initial et la caractérisation des agents pathogènes. Quelques autres publications méritent d'être citées parce qu'elles font valoir la diffusion des virus au delà des frontières, voire des continents. Selon **Aykut Özkul, et al., 2002**, deux souches PPRV de la lignée 4, originaires du Moyen Orient, de la péninsule arabique et l'Asie du Sud, ont été isolées de moutons turcs. **Kinne et al, 2010** soulignent la similitude phylogénique entre une souche prélevée en Chine en 2007 et une autre souche isolée en 2009 en Arabie Saoudite. Plus récemment, **Kwiatek et al. 2007** ont isolé

une souche de lignée IV à partir d'un mouton marocain confirmant ainsi l'émergence de la PPR au Maroc. A une échelle plus régionale, **Salami, 2010** par une étude phylogénique du PPR caractérise des souches au Sénégal proche de la lignée II malienne. Ces souches identifiées ne sont donc pas de lignée I comme historiquement constaté au Sénégal mais de lignée II. L'introduction d'une nouvelle lignée pourrait s'expliquer d'une part, par les mouvements commerciaux de petits ruminants, du Mali vers Dakar traversant tout le Sénégal par le chemin de fer et par la route. D'autre part les dromadaires mauritaniens en transhumance dans la zone Nord du Sénégal et en contact avec les petits ruminants.

Pleuropneumonie contagieuse caprine, PPCC

Lorenzon et al, 2001 nous apprennent qu'une souche de **PPCC** d'origine turque a une séquence similaire à celle observée dans les souches d'Afrique du Nord, tandis que les souches isolées à Oman ont des séquences similaires à celles d'Afrique du Nord ou de souches d'Afrique orientale. Ils en déduisent que c'est probablement due à l'importation régulière de chèvres d'origines diverses.

Plus récemment, **Manso-Silvan et al, 2011** ont développé une méthode de typage pour tracer de nouvelles épidémies et élucider si les cas identifiés en Asie continentale étaient dus à l'importation récente de Mccp : une méthode de typage avec une meilleure résolution était nécessaire pour répondre à toutes les questions épidémiologiques qui se posent. Cette étude évolutive montre par exemple que les souches Asiatiques: Tadjikistan et Chine ont évolué séparément et démontre par conséquent qu'il ne s'agit pas d'une importation récente mais seulement que la PPCC n'a jamais été déclarée en Asie officiellement.

Manso-Silvan et al, 2011 retracent les récentes épidémies de PPCC : isolement de Mccp dans la région de Thrace en Turquie a montré qu'il existe un risque d'introduction de la maladie en Europe. La récente flambée de PPCC à l'île Maurice a confirmé que Mccp se répand et menace de nombreuses zones exemptes de maladies. En outre, la présence de PPCC dans l'Est de l'Asie a été récemment confirmée par des techniques moléculaires au Pakistan et au Tadjikistan et plusieurs souches chinoises ont été caractérisés comme Mccp. En outre, la PPCC a récemment été confirmée chez les ruminants sauvages conservés dans une réserve faunique au Qatar, s'interrogeant sur la spécificité d'hôte longtemps crue stricte de Mccp à la chèvre domestique.

Fièvre de la vallée du Rift, FVR

Bird B. et al, 2007 ont montré, par des analyses Bayésiennes que le virus de la FVR à Madagascar a un ancêtre qui a circulé au Zimbabwe dans le début des années 1970. Dans cet article, une autre preuve de la capacité du virus de la FVR à franchir les frontières physiques a été avancée grâce aux relations phylogéniques d'un virus (souche Kenya) collecté au cours de la grande épizootie / épidémie survenue en Afrique de l'Est (depuis le sud du Kenya à l'Afrique du sud) en 1997 et 1998 et l'introduction ultérieure de ce virus (souche Saudi 2000) à travers la mer Rouge sur la péninsule arabique.

Bird B. et al, 2008 trouvent via des analyses génomiques approfondies des ancêtres communs à l'épidémie de FVR 2006/2007 avec ceux de 1997-1998 et apportent plusieurs indicateurs de mouvements de virus à longue distance : le virus de FVR pour l'épizootie Kenya, Somalie et Tanzanie a été isolé et génétiquement caractérisé.

Nderitu L. et al, 2011 ont fait une analyse génomique de 16 virus de la FVR provenant d'humains, de bétail, et de moustiques du Kenya, Somalie et Tanzanie en 2006-2007. Les résultats indiquent que l'épidémie de FVR dans la région a été causée par de multiples lignées de virus de la FVR. **Chevalier et al, 2010** font une revue sur la diffusion de plusieurs virus et décrivent notamment que la Fièvre de la Vallée du Rift, endémique à des pays africains, s'est récemment propagée à l'Arabie saoudite et au Yémen. **Shaif Abdo-Shalem et al, 2010** sont les auteurs d'une évaluation qualitative de la probabilité de "réintroduction" de la FVR au Yémen par l'importation légale des petits ruminants de la Corne de l'Afrique. En supposant que le virus n'a pas survécu au Yémen ou a été en circulation à un niveau faible, la probabilité d'introduction a été évaluée de très faible à moyen, mais cette estimation augmente pendant les périodes de fêtes ou lors d'une exposition de transmission directe par rapport à une exposition de transmission vectorielle. Une analyse des séquences partielles de souches RVFV de Madagascar a permis à **Andriamandimby et al, 2010** de montrer qu'elles étaient semblables aux souches en circulation au Kenya en 2006-2007. Ils soulèvent la question de l'introduction de cette lignée en provenance du Kenya et penchent en faveur de l'importation illégale d'animaux. Mais cette question reste sans réponse.

La maladie de NEWCASTLE

Cattoli et al.2009, suite à des analyses de souches du virus circulant en Afrique de l'Ouest, révèlent la circulation d'une nouvelle lignée génétique, distincte des lignées décrites dans les parties orientale et australe du continent. Les arbres phylogénétiques présentés par **Snoeck et al, 2009** suggèrent que la lignée 5 a été enzootique (pigeons, perroquets, dindes, poulets) et est en circulation depuis de nombreuses années en Afrique de l'Ouest. Fait intéressant, aucune lignée 5 n'a été trouvée dans les fermes commerciales d'Afrique de l'Ouest laissant penser que les programmes de vaccination protègent efficacement les volailles commerciales.

Quatre virus de la maladie de Newcastle ont été isolés à Madagascar. **Maminiaina et al, 2010**, les ont caractérisés. Ces isolats forment un groupe assez éloigné pour constituer un nouveau génotype. Ce nouveau génotype est probablement un proche ancêtre du génotype IV introduit dans l'île sans doute il y a plus de 50 ans.

Quelques soient les pathogènes, ces études confirment toutes la propagation des virus ou bactéries par le mouvement du bétail à différentes échelles, au delà des frontières nationales, voire vers d'autres continents. Mais les analyses génétiques peuvent aussi montrer que des souches ont évolué différemment et permettent quelque fois de mettre en évidence qu'au contraire, il ne s'agit pas d'une introduction mais d'une ré-émergence.

2. Connaissances sur les mouvements des petits ruminants

La bibliographie a été menée à partir de la littérature grise (rapports de services vétérinaires, projets de recherche, mémoires ou thèses...) et de bases de données nationales ou internationales. Ces informations proviennent par conséquent de tous types de sources, de différentes méthodes de collectes et recouvrent différents domaines scientifiques.

Politique et cadre juridique

Les maladies animales transfrontalières sont définies comme celles qui peuvent gravement perturber ou empêcher le commerce des animaux, soit dans un pays ou à l'étranger (**FAO, 2011**). Tant la FAO que l'OIE (**OIE, 2010**) travaillent activement à surveiller les maladies transfrontalières et prévenir leur propagation (**Domenech et al., 2006**). Cela est particulièrement difficile dans les pays pauvres en ressources, où le financement de surveillance et de contrôle est minime. Ils citent les deux principaux organismes internationaux, la FAO et l'OIE qui ont élaboré des programmes et projets consacrés au problème du contrôle transfrontalier et des maladies émergentes tels que TADinfo, EMPRES-i pour la FAO et Global OIE Database et les laboratoires de références pour l'OIE. L'OIE a établi une liste de plus de 130 maladies qui sont considérées comme «transfrontalières». Cet office international (**OIE, 2010**) a développé des codes afin d'assurer la sécurité sanitaire des échanges internationaux d'animaux terrestres en détaillant les mesures de santé qui devraient être utilisées par les autorités vétérinaires. Elle est la garante des normes de l'OMC. Cette dernière (**OMC, 2010**) a énoncé des règles fondamentales dans un accord régissant la manière dont les gouvernements peuvent appliquer les mesures relatives les normes sanitaires pour les animaux.

Des espaces (**Guibert et al. 2009**) d'intégration différents UEMOA, CEDEAO et CEMAC pour l'Afrique de l'Ouest ont mis en place des politiques régionales portant à la fois sur la transhumance ou le commerce sous-régional du bétail, la réglementation et des politiques tarifaires en matière d'importation de bétail. Ces auteurs distinguent cinq principaux circuits de commercialisation du bétail en Afrique de l'Ouest et du Centre. Si l'on ajoute alors les circuits qui desservent l'Algérie et la Libye à partir du Mali et du Niger, on peut compter plus de sept circuits transfrontaliers. Au niveau régional, la plupart des pays pratiquant la transhumance ont souscrit à des accords bilatéraux, multilatéraux ou régionaux au sein d'organismes qui traitent de la transhumance (**Abiola et al. 2005**)

Commerce transfrontalier et transhumance

Gautier et al. 2009, décrivent justement ces circuits entre le Mali et les pays frontaliers. **Alary et al. 2006**, montrent par exemple que le commerce entre l'Algérie et le Mali est bien ancré dans l'histoire des peuples sahariens et continue d'être très dynamique. **Bourbouze. 2006**, retrace la mobilité historique des petits ruminants jusqu'à nos jours, en Afrique du Nord. **Barry, 2008** parle de convoyage par des véhicules routiers ou par les bergers qui partent du Mali au Nigeria, du Sénégal en Côte d'Ivoire et au Ghana à pieds. En allant plus vers le centre de l'Afrique, **Hendriks et al. 2001**, s'intéressent aux couloirs de commerce et marchés au bétail en Centrafrique. Le **Rapport National de Madagascar 2000** examine le circuit de commercialisation des bovins qui part de la Côte Ouest « pays naisseur » et passe par les Hautes Terres avant d'arriver sur la Côte Est. Cinq marchés de bétail tiennent un rôle important dans ce circuit.

Pour l'Afrique de l'Est, la facilitation des échanges régionaux se fait par une intégration de plusieurs états (Djibouti, Égypte, Kenya, Madagascar, Malawi, Maurice, Soudan, Zambie, et Zimbabwe) au COMESA, Marché Commun de l'Afrique Orientale et Australe. C'est une zone de

Abdurahman, 2006, met en évidence toutes les difficultés du commerce transfrontalier dans ces régions (liées aux conflits ethniques, au grand banditisme, aux rivalités commerciales et à l'insécurité), et détaille les principaux axes commerciaux dans la corne de l'Afrique.

Commerce international

Ces observatoires se sont multipliés mais avec une durée de vie plus ou moins longue... et un impact variable. Trois de ces plateformes présentent un intérêt majeur du fait de leur actualisation régulière et récente, de leur couverture géographique, des indicateurs par pays, année et espèces.

- FEWS NET (**FEWS-NET, 2011**) financée par l'USAID, est un réseau de système d'alerte qui collabore avec des partenaires internationaux, régionaux et nationaux pour fournir des informations sur les questions de sécurité alimentaire et plus précisément sur les marchés et commerce. FEWS NET fournit des rapports mensuels et dresse des cartes des marchés et flux commerciaux sur l'Afrique de l'Ouest et l'Afrique de l'Est.



- **UN Comtrade database, 2011** est la collection la plus détaillée des données sur l'Afrique, contenant des indicateurs d'importation et d'exportation de petits ruminants (bovins, caprins, ovins et volailles) couvrant la zone de l'océan atlantique à la péninsule

arabique et étalée de 1962 à 2011. Ils proposent en plus une interface puissante pour faire des requêtes avancées et en télécharger le résultat.

- La FAO met aussi à disposition beaucoup d'informations et notamment des couches de données pour SIG (geonetwork). Des séries d'indicateurs (**FAOSTAT, 2011**) sur le commerce d'animaux vivants sont également disponibles gratuitement en ligne. Mais les mises à jour sont moins récentes (2009), et certains pays ne sont pas traités. La division "Production et santé animale" de la FAO a aussi fait une compilation de statistiques du bétail au niveau international (**Wint et al. 2007**)

En conclusion, l'Afrique de l'Ouest et de l'Est ont des politiques d'intégration régionale depuis de nombreuses années qui génèrent pas mal d'informations. Par contre pour l'Afrique du centre et l'Afrique du Nord, on se heurte au manque de statistiques disponibles sur la réalité des échanges commerciaux transfrontaliers. Il faut également signaler un décalage entre les données statistiques et la réalité du commerce.

3. Techniques les plus récentes concernant la représentation spatiales : quelles méthodes de représentation ? Quels outils ?

Etat des lieux des méthodes de représentation de données spatio-temporelles.

Les cartes informatisées montrant le mouvement géographique ont été introduites dans les années 1970 et 1980 (**Tobler, 2003**). En général, il existe plusieurs façons de rendre le mouvement sur les cartes géographiques. Une technique simple consiste à utiliser une carte choroplèthe avec des progressions de couleurs. Mais celles-ci ne montrent pas le mouvement. Au contraire, elles montrent un changement d'état mais pas les mouvements réels.

L'étude sur la Fièvre Aphteuse, de la FAO/OIE dans la zone MTM (Malaysia, Thailand et Myanmar) a fait le choix d'une représentation des mouvements animaux à différentes échelles générant le mouvement par des flèches orientées.

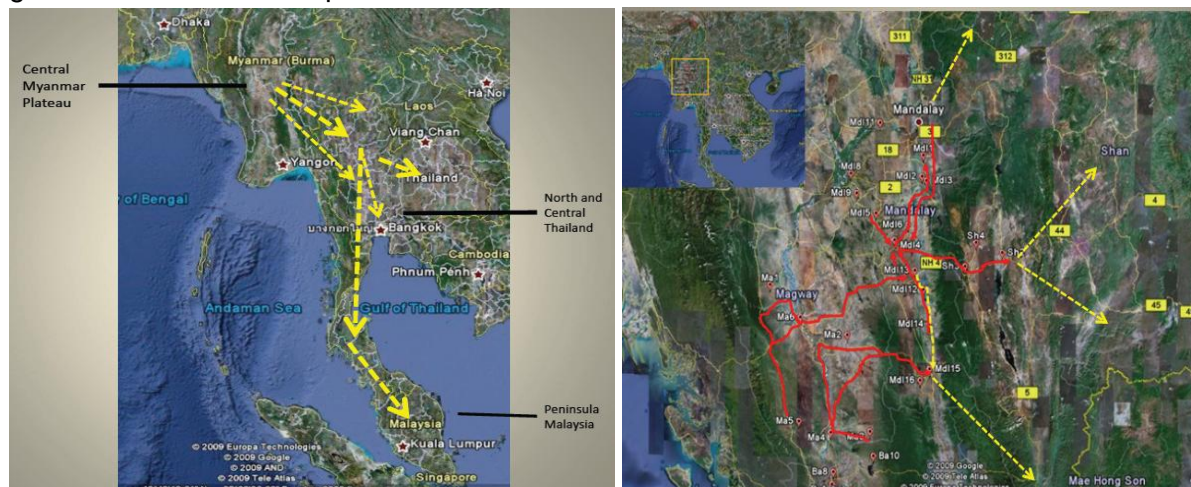
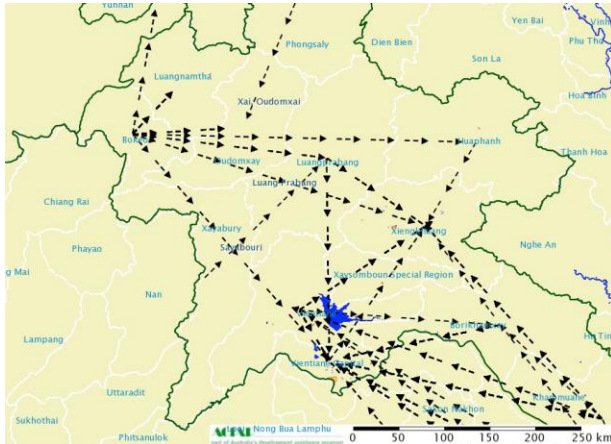


Figure 2 : Mouvements animaux dans la zone MTM dans le cadre du projet FMD. FAO/OIE



Le projet Aciar (**ACIAR Project, 2009**) a développé une interface cartographique sur le web reportant des déplacements de bétail au Cambodge et au Laos où chaque mouvement enregistré est signalé par une flèche induisant la mobilité.

La newsletter du projet décrit la structure des données utilisées pour représenter ces mouvements animaux : espèce, volume, finalité, date de départ et d'arrivée, description point de départ et d'arrivée.

Figure 3 : Cartes sur la mobilité animale dans le cadre du projet Aciar

Le CSISS (**CSISS, 2001**) a développé des outils de "flow mapping" pour faciliter la représentation de nombreux flux.

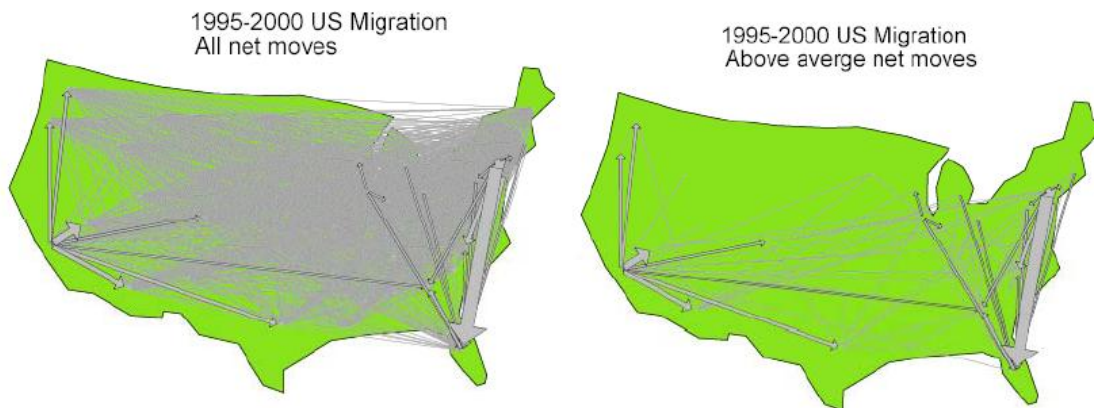


Figure 4 : Simplification des flux. Tobler, W. 2003

Les auteurs (**Gao S.a. 2009**) d'une étude sur la représentation d'informations sur la santé étalées dans le temps et géographiquement localisées via le web ont conçu un schéma XML, appelé HERXML, pour faciliter la visualisation cartographique de ces données. Pour comprendre les tendances des maladies, ils ont apporté une solution de représentation des données de santé basée sur le Web et sur des Open Geospatial Consortium (**OGC, 2011**) services. Le schéma HERXML inclut 3 parties: "health, mapping data, and representation.", sachant que le « mapping data » se charge de faire le lien entre les données "health" et la représentation.

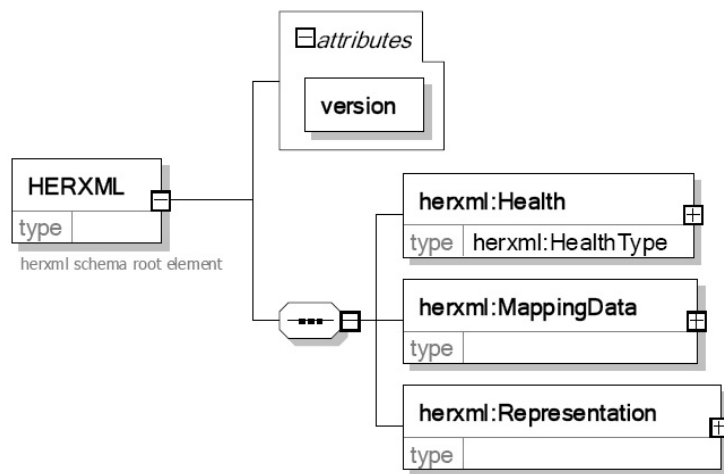


Figure 5 : HERXML Schéma (Gao S.a., 2009)

L. Belmont, 2007 montre la difficulté de représenter des corridors biologiques. Elle énumère les différentes méthodes (Cartographie de continuums ou de trames supports des déplacements sous forme de raster, de vecteurs).

Dans le cadre d'un programme de surveillance, « Le step by step map » du site **Wildbirds et Avian influenza in Africa, 2007** permet de voir le déplacement spatio-temporel des oiseaux sauvages équipés d'un petit émetteur satellite rendant possible leur suivi (tracking)

J.P. Cheylan, 2007 explore les problèmes de la cartographie animée conjointes de l'espace et du temps. Le Groupe sur la Cartographie Animée et la Représentation des Territoires (**GCART, 2009**) définit précisément les variables spatio-temporelles (état, vitesse, géométrie, temps, échelle, vitesse et interactivité). Ils montrent, exemples animés à l'appui, que ces méthodes sont très appropriées au concept d'objets spatio-dynamique.

Etat de l'art des technologies dans le domaine du logiciel libre et du web mapping

Le « *Web Mapping* » ou diffusion de cartes via le réseau Internet, est un domaine en pleine expansion grâce au développement des solutions *Open Source*. Suivant la philosophie GNU qui autorise la copie, la diffusion du logiciel et la modification du code source, ces programmes généralement gratuits et d'utilisation libre émergent à un rythme soutenu.

Un rapide tour d'horizon des solutions autour du Web mapping :

La carte dynamique, coté client

Pour animer une page web, plusieurs technologies existent : Flash, SVG, Javascript

Leurs intérêts principaux sont la fluidité de l'information, l'interaction utilisateur/application, et liaison possible avec des bases de données.

Par exemple, OpenLayers (OpenLayers, 2011) est un framework cartographique basé sur une librairie Javascript.

Le serveur cartographique, coté serveur

Le serveur cartographique affiche les données spatiales sur le web (cartes, images, et données vectorielles). Il peut également créer des "cartes interactives".

Mapserver est la solution la plus répandue. D'autres solutions gratuites également comme Goserver (Geoserver, 2011) ou payantes comme ARCMS (ARCGIS, 2011) existent.

Les web services, orientés cartographie

Ce sont des flux de données géoréférencées, conformes au standard OGC (OGC, Site officiel de l'Open Geospatial Consortium, 2011). Les web services travaillent avec des bases de données spatiales telles que Postgis.

Plusieurs standards sont définis :

Web Map Service ou WMS permet de produire des cartes de données géoréférencées à partir de différents serveurs cartographiques. Cela permet de mettre en place un réseau de serveurs à partir desquels des clients peuvent construire des cartes interactives.

Web Feature Service ou WFS est un protocole décrit dans des spécifications maintenues par l'OGC. Le service WFS permet, au moyen d'une URL formatée, d'interroger des serveurs cartographiques afin de manipuler des objets géographiques (lignes, points polygones...), contrairement au WMS qui permet la production de cartes géoréférencées à partir de serveurs géographiques.

GeoJSON est un format léger textuel pour l'échange de données de contenu géographique. GeoJSON est géré comme format de sortie de services implémenté par WFS.

KML que l'on peut traduire par "langage à base de balises géolocales", est un format basé sur le formalisme XML et destiné à la gestion de l'affichage de données géospatiales.

Références bibliographiques

Abiola F. A., Teko-Agbo A., Biao C., Niang. M. Impacts socio-économiques et zoonosaires de la transhumance. 2005. Conf OIE 83-105.

Abdurahman A. Cross-border livestock Trade and Small Arms and Conflict in Pastoral Areas of the Horn of Africa: Case Study from Southern Ethiopia and Northern Kenya. 2006. In IASCP's Eleventh Biennial Conference.

ACIAR Project. Understanding Livestock Movements and the Risk of Spread of Transboundary Animal Diseases. Project Newsletter April 2009. ACIAR Project AH/2006/025, Sydney university.

Alary V., Dieye P.N. 2006. Etude du commerce régional de bétail entre le Mali et l'Algérie. Rapport de mission FAO / OIE.

Andriamandimby S.F. et al. 2010. Rift Valley Fever during Rainy Seasons, Madagascar, 2008 and 2009. Emerging Infectious Diseases • www.cdc.gov/eid • Vol. 16, No. 6, June 2010. DOI: 10.3201/eid1606.091266

Banyard A.C., et al. Global distribution of peste des petits ruminants virus and prospects for improved diagnosis and control. Journal of General Virology (2010), 91, 2885–2897.

Barry S.I. 2008. Analyse économique des circuits de commercialisation du bétail de la région de Mopti vers les pays frontaliers : cas de l'axe Fatick-Sofara-Dakar. Mémoire de fin d'étude. Université de Thiès, Sénégal.

Belmont L. 2007 Corridors biologiques : méthodes cartographiques. Asconit conseil.

Cheyran J.P. Les processus spatio-temporels: quelques notions et concepts préalables à leur représentation, CNRS, UMR ESPACE 6012, Avignon, 2007, Revue n° 87 M@ppemonde.

- Bourbouze A. 2006. Systèmes d'élevage et production animale dans les steppes du Nord de l'Afrique. *Sécheresse* 2006 ; 17 (1-2) : 1-9.
- Bigras-Poulin M., Barfod K., Mortensen S., Greiner M. 2007. Relationship of trade patterns of the Danish swine industry animal movements network to potential disease spread.
- Bird, B. H., et al. 2007. Complete genome analysis of ecologically and biologically diverse Rift Valley fever virus strains reveals widespread virus movement and low genetic diversity due to recent common ancestry. *J. Virol.* 81:2805–2816.
- Bird B.H. et al. 2008. Multiple virus lineages sharing recent common ancestry were associated with a large Rift Valley fever outbreak among livestock in Kenya during 2006-2007. *J Virol*;82:11152-11166.
- Chevalier V., et al. 2010. Epidemiological processes involved in the emergence of vector-borne diseases: West Nile fever, Rift Valley fever, Japanese encephalitis and Crimean-Congo haemorrhagic fever. In :*Rev. sci. tech. Off. int. Epiz.*, 23 (2).
- Cattoli, G. et al. Emergence of a new genetic lineage of newcastle disease virus in west and central africa – Implications for diagnosis and control, *Veterinary Microbiology* (2008), doi:10.1016/j.vetmic.2009.09.063.
- Dieye P.N., Duteurtre G., Cuzon J.R., Dia D. Livestock liberalization and trade negotiations in West Africa. 2007. *Outlook on AGRICULTURE* Vol 6, No 2, 2007, pp 93–99.
- Domenech J., Lubroth J., Eddi C., Martin V. et Roger F., Les approches régionales et internationales sur la prévention et le contrôle des maladies animales transfrontières et émergents, *Ann. NY Acad. Sci.* 1081 (2006), p. 90-107.
- Fèvre E. M., Bronsvoort B. M. de C., Hamilton K. A., Cleaveland S. 2006. Animal movements and the spread of infectious diseases. *Trends in Microbiology*. Volume 14, Issue 3, March 2006, Pages 125-131.
- Gao S.a, Mioc D.a, Yi X.b, Anton F.c, Oldfield E.d, Coleman, D.J. Towards Web-based representation and processing of health information. *International Journal of Health Geographics*. Volume 8, Issue 1, 21 January 2009.
- Gautier D., Corniaux C., Alary V. De la côte à la côte : itinéraire du bétail des territoires naisseurs maliens aux métropoles régionales côtières et pro-activité des stratégies d'acteurs le long de cette chaîne. 2009. CIRAD. In : *Conférence Internationale sur les accès aux marchés et commercialisation des produits de l'élevage pastoral en Afrique de l'ouest et centrale*, Bamako, Mali, du 23 au 25 novembre 2009. s.l. : s.n., 13 p.
- Guibert B., Banzhaf M., Dr Soule B.G., Balami D. H., IDE G. 2009. Textes de la commercialisation du bétail/accès aux marchés et défis d'amélioration des conditions de vie des communautés pastorales. Rapport pour le Réseau de connaissances de la SNV Afrique de l'Ouest et Centrale sur l'Elevage et le Pastoralisme.
- Hendriks P., Dufour B., Tulasne J.J., Kondolas G. 2001. Analyse qualitative du risque d'épizootie de peste bovine en république centrafricaine à partir du Tchad et du Soudan. *Epidémiol. et santé anim.*, 2001, 40, 83-94.
- Kinne J., Kreutzer R., Kreutzer M., Wohlsein P. 2010. Peste des petits ruminants in Arabian wildlife. *Epidemiol Infect* 138(8):1211-4.
- Kwiatek O. et al. 2007. Peste des Petits Ruminants (PPR). Outbreak in Tajikistan. *J. Comp. Path.* (2007), doi:10.1016/j.jcpa.2006.12.002.

Kwiatek O. et al. En cours de publication. Emergence in Africa of the Asian lineage of the peste des petits ruminants virus. *Emerging Infectious Diseases*. ScholarOne support: (434) 964-4100.

Lorenzon S., H. Wesonga, Laikemariam Ygesu, Tesfaalem Teklehiorgis, Y. Maikano, M. Angaya, P. Hendrik and F. Thiaucourt, 2001. Genetic evolution of *Mycoplasma capricolum* subsp. *capripneumoniae* strains and molecular epidemiology of contagious caprine pleuropneumonia by sequencing of locus H2.

MacLachlan, N.J., Zientara, S., Stallknecht, D.E., Boone, J.D., Goekjian, V.H., Sailleau, C. & Balasuriya, U.B. 2007. Phylogenetic comparison of the S10 genes of recent isolates of bluetongue virus from the United States and French Martinique Island. *Virus Res.*, doi:10.1016/j.virusres.2007.07.009 129: 236-240.

Maminiana OF, Gil P, Briand F-X, Albina E, Keita D, et al. (2010) Newcastle Disease Virus in Madagascar: Identification of an Original Genotype Possibly Deriving from a Died Out Ancestor of Genotype IV. *PLoS ONE* 5(11): e13987. doi:10.1371/journal.pone.0013987.

Nderitu I. et al. 2011, Sequential Rift Valley Fever Outbreaks in Eastern Africa Caused by Multiple Lineages of the Virus. In 2006–2007 Epidemic d JID 2011:203 (1 March)

Manso-Silvan L., Dupuy V., Chu y., Thiaucourt F. 2011. Multi-locus sequence analysis of *Mycoplasma capricolum* subsp. *capripneumoniae* for the molecular epidemiology of contagious caprine pleuropneumonia. En cours de publication.

Özkul A. et al. Prevalence, Distribution, and Host Range of Peste des petits ruminants virus, Turkey. *Emerging Infectious Diseases* • Vol. 8, No. 7, July 2002.

SALAMI H. 2010. Epidémiologie de la peste des petits ruminants au Sénégal. Mémoire de master 2. CIRAD/ISRA.

Abdo-Salem S. et al. 2010. Risk assessment of the introduction of Rift Valley fever from the Horn of Africa to Yemen via legal trade of small ruminants. *Trop Anim Health Prod* (2011) 43:471–480.

Snoeck C. et al. 2009. Newcastle disease virus in West Africa: new virulent strains identified in non-commercial farms. *Arch Virol* (2009) 154:47–54. DOI 10.1007/s00705-008-0269-5.

Wint W., Robinson T., 2007. Gridded livestock of the world. Rome: Food and Agriculture, Organization of the United Nation. 145 p.

Références Internet

ArcGis, ESRI France. 2011. <http://www.esrifrance.fr>

GCART, 2009. Groupe sur la Cartographie Animée et la Représentation des Territoires. UMR ESPACE. <http://www.umrespace.org/ActGCart.htm>

FEWS-NET, 2011. Famine Early Warning Systems Network. USAID. <http://www.fews.net/>

Sites proposant des présentations et des tutoriels : <http://www.geotribu.net/>, <http://georezo.net/>

Site officiel de mapserver, 2011 : <http://mapserver.org/>

FAOSTAT, 2011. Food and Agriculture Organization of the United Nations, Statistics Division [\[http://faostat.fao.org/default.aspx\]](http://faostat.fao.org/default.aspx)

GenBank, 2011. Site: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>

Le site officiel de **Geoserver**, 2011. <http://geoserver.org/>

OIE, 2010. Code sanitaire pour les animaux terrestres. <http://www.oie.int/index.php?id=169&L=1&htmfile=sommaire.htm>

OIE, WAHID. 2011. Organisation mondiale de la santé animale.
[\[http://web.oie.int/wahis/public.php?page=disease_status_map\]](http://web.oie.int/wahis/public.php?page=disease_status_map)

OGC, Site officiel de l'Open Geospatial Consortium, 2011 : <http://www.opengeospatial.org/>

OpenLayers, la documentation, 2011 : <http://docs.openlayers.org>

OMC, 2010. Accords sur l'application des mesures sanitaires et phytosanitaires.
http://www.wto.org/english/tratop_e/sps_e/spsagr_e.htm

Site officiel de **Postgis** France, 2011 : <http://www.postgis.fr/>

Tobler, W. 2003. Geographical Movement. Geography department . University of California.

CSISS, Center for Spatially Integrated Social Science. 2001. Geography Department of the University of California. Santa Barbara <http://www.csiss.org/clearinghouse/FlowMapper/>

UNComtrade database. 2011. Trade data from UNSD's UN Comtrade database, the global database for merchandise trade statistics. <http://comtrade.un.org/>

Wildbirds et Avian influenza in Africa, 2007. Wild Birds Satellite Tracking Program. CIRAD/FAO.
<http://wildbirds-ai.cirad.fr/chronological-map.php>

Travail personnel

Introduction

Deux objectifs principaux sont assignés à ce stage :

1. Modéliser et **développer** une **base de données**, permettant de stocker et valoriser les informations génétiques et géographiques sur les souches virales (peste des petits ruminants - PPR) ou bactériennes (mycoplasme agent de la péripneumonie contagieuse caprine - PPCC) détenues par les laboratoires de référence du CIRAD en collaboration avec les laboratoires nationaux des pays concernés par ces maladies. On pourra étendre la démarche au virus de la maladie de Newcastle et à celui de la fièvre de la Vallée du Rift (FVR) pour lesquelles le Cirad et ses partenaires ont également des données.
2. **Exploiter** ces données pour **valider les informations connues** sur les déplacements des animaux, essentiellement du bétail vivant (toutes espèces): commerce d'animaux ou transhumance. Il s'agit de proposer des hypothèses explicatives sur les émergences récentes de maladies telles que la PPCC, la PPR, la FVR et la maladie de Newcastle. La zone concernée va de l'océan atlantique à la péninsule arabique et de l'Afrique du nord jusqu'à Madagascar. Un démonstrateur représentant la mobilité des ruminants au cours du temps sera mis en place pour la zone retenue.

Contexte

L'UMR CMAEE

C'est une unité de recherche mixte du Cirad et de l'INRA basée à Montpellier, sur le campus de Baillarguet. Elle développe des recherches sur les maladies animales et zoonotiques d'importance économique et sanitaire pour les pays du Sud, dont certaines menacent les pays du Nord. Les recherches visent à décrire et à caractériser les déterminants de l'émergence des agents pathogènes, de leur transmission et de leur diffusion, les processus infectieux mis en œuvre et la dynamique des populations de vecteurs dans le cas des maladies vectorisées.

L'unité est laboratoire de référence de l'Organisation mondiale de la santé animale (OIE) pour différentes maladies animales dont la pleuropneumonie contagieuse caprine (PPCC) et la peste des petits ruminants (PPR), et également Centre collaborateur de l'OIE pour l'épidémiologie, le diagnostic et le contrôle des maladies animales. A ce titre, son rôle ne se limite pas à la confirmation du diagnostic des maladies infectieuses, mais comporte aussi l'analyse des

situations épidémiologiques, ainsi que des conseils, transferts de technologies et de compétences pour la prévention et le contrôle des émergences.

Détection du matériel génétique / caractérisation des pathogènes

En vue de renforcer sa capacité analytique en termes de surveillance des émergences en santé animale, l'équipe utilise des techniques de détection et caractérisation moléculaire de pathogènes. L'avènement de la PCR et du séquençage d'ADN ont permis un développement très important de la phylogénie moléculaire. Plusieurs méthodes permettent de caractériser des souches. On peut procéder à la détection des microorganismes par une amplification génique (PCR ou RT-PCR) directement après avoir extrait l'ADN ou l'ARN du prélèvement. Le produit d'amplification sera ensuite séquençé et la séquence entrera dans une analyse phylogénétique, analyse permettant de génotyper les souches. La méthode la plus sûre reste néanmoins l'isolement du microorganisme (virus ou bactérie) dont on peut alors analyser tout ou partie du génome. Cette méthode se heurte cependant parfois à des difficultés de mise en œuvre de la culture virale ou bactérienne.

Généralités sur les maladies concernées

Peste des petits ruminants, PPR

La peste des petits ruminants est une maladie d'évolution rapide qui atteint principalement les **petits ruminants**. D'autres espèces, telles que les bovins, les buffles, les dromadaires et les porcs, peuvent être infectées par le virus de la PPR, mais certains d'entre elles (bovins et porcs) n'ont pas de rôle épidémiologique dans le maintien de la maladie.

Le **virus** appartient au genre des *Morbillivirus*, famille des *Paramyxoviridae*. Elle a été décrite pour la **première fois** en **1942** en **Côte d'Ivoire**. La **transmission** de la maladie est possible quand il existe un **contact étroit** entre les animaux. D'autres sources de contamination sont représentées par l'eau, les aliments, les mangeoires, les abreuvoirs et les litières souillées par les matières virulentes. Néanmoins, la contamination à partir de ces sources n'est que de courte durée car le **virus** de la PPR, tout comme celui de la peste bovine, ne **survit pas longtemps en milieu extérieur** en raison de sa très grande fragilité.

Jusqu'à une date récente, tous les pays d'Afrique situés entre Sahara et l'équateur, **de l'océan Atlantique à la mer Rouge**, se trouvent dans la **zone d'enzootie de la PPR**. Actuellement elle s'étend jusqu'à la **Méditerranée**. La PPR est également présente au **Moyen Orient et en Asie**. (Banyard et al. 2001 ; Aykut Özkul et al. 2002).

Maladie inscrite sur la liste de l'OIE 2011 dans la catégorie des maladies des ovins et des caprins.

Péripneumonie contagieuse caprine

La pleuropneumonie contagieuse caprine (PPCC) est une maladie grave des **chèvres** due à une bactérie : *Mycoplasma capricolum* subspecies *capripneumoniae* (Mccp). Mccp a été isolé de moutons sains, la maladie a également touché des ruminants sauvages (mouflons, chèvres...). La PPCC semble être transmise par des aérosols infectieux.

La **transmission est toujours directe** Les mycoplasmes ne sont **pas résistants dans le milieu extérieur**, ils sont rapidement inactivés par la chaleur, les UV ou les désinfectants.

La première description de la maladie remonte à 1873 en Algérie. Mais c'est au **Kenya** que ce micro-organisme a été **isolé** pour la **première fois** et reconnu comme responsable de la PPCC. Un vaccin contre la PPCC est disponible dans le commerce.

La maladie **se manifeste** dans beaucoup de pays en **Afrique et en Moyen-Orient** (Manso-Silvan et al, 2011). La PPCC a été signalée pour la première fois en Europe en 2004, quand des foyers ont été confirmés en Thrace en Turquie (S. Lorenzon et al, 2001). Néanmoins, sa répartition exacte est inconnue, et elle pourrait être beaucoup plus répandue que dans la seule zone représentée par les pays où Mccp a été isolé car elle est souvent confondue avec d'autres affections respiratoires (y compris la PPR) et parce que l'isolement de l'agent causal est particulièrement difficile.

Maladie inscrite sur la liste de l'OIE 2011 dans la catégorie des maladies des ovins et des caprins.

Fièvre de la Vallée du Rift

La fièvre de la Vallée du Rift (FVR) est une zoonose virale **touchant** principalement les **animaux** mais pouvant aussi contaminer l'**homme**. Le virus de la FVR appartient au genre *Phlebovirus* (famille des Bunyaviridae). Il a été **identifié** pour la **première fois** en **1931** au **Kenya**.

L'infection se produit chez l'homme à la suite d'un **contact direct ou indirect** avec du sang ou des organes d'animaux contaminés.

Plusieurs espèces de moustiques peuvent jouer le rôle de **vecteur** dans la transmission du virus de la FVR et principalement ceux des genres *Aedes* et *Culex*. Les femelles de certaines espèces d'*Aedes* sont capables de transmettre le virus directement à leurs œufs. Cela peut assurer la continuité de la présence du virus de la FVR dans des foyers enzootiques, celui-ci ayant ainsi un moyen durable de persister grâce aux œufs qui survivent pendant plusieurs années dans des conditions de sécheresse.

La FVR est surtout **présente** dans les pays d'**Afrique sub-saharienne** (Chevalier et I. 2010 ; Nderitu et al. 2011) **et à Madagascar** (Andriamandimby et al. 2010). Des foyers confirmés en 2000 en Arabie Saoudite et au Yémen (Bird et al. 2007) ont constitué les premiers cas de fièvre de la Vallée du Rift signalés en dehors du continent africain.

Des vaccins sont disponibles mais l'organisation de campagnes de vaccination reste difficile et peu pratiquée.

Maladie inscrite sur la liste de l'OIE 2011 dans la catégorie des maladies communes à plusieurs espèces.

Maladie de Newcastle

La maladie de Newcastle est une maladie **présente partout dans le monde**, très contagieuse et souvent grave qui affecte les **oiseaux**, notamment les **volailles domestiques**. Elle est due à un **virus** du genre *Avulavirus* appartenant à la famille des **Paramyxoviridae**. Elle a été découverte en Indonésie en 1926, mais elle a tiré son nom de la ville de **Newcastle-on-Tyne, Angleterre**, où elle est **apparue en 1927**.

Le plus souvent, le virus de la maladie de Newcastle se **transmet** par **contact direct** avec des oiseaux malades ou porteurs. Les oiseaux infectés peuvent contaminer l'environnement en excréant le virus contenu dans leurs matières fécales. Une transmission peut alors se produire par contact direct avec les déjections et les sécrétions respiratoires ou par de la nourriture, de l'eau, du matériel ou des vêtements humains contaminés. Le **virus** de la maladie de Newcastle peut **survivre** pendant **plusieurs semaines dans le milieu extérieur**, notamment par temps froid.

Cette maladie est actuellement maîtrisée au Canada, aux États-Unis d'Amérique et dans certains pays d'Europe occidentale. Elle persiste dans différentes régions d'Afrique (Cattoli et al. 2008) et de Madagascar (Maminiaina et al. 2010), d'Asie et d'Amérique du Sud. Toutefois, étant donné que les oiseaux sauvages peuvent être porteurs du virus sans contracter la maladie, des foyers peuvent apparaître partout où existent des élevages de volailles.

Plusieurs vaccins existent et sont largement utilisés en aviculture.

Maladie inscrite sur la liste de l'OIE 2011 dans la catégorie des maladies des oiseaux

Mobilité animale

Les mouvements de population animale sont importants dans la propagation des maladies. Il y a beaucoup d'exemples récents de diffusion de maladies qui ont eu lieu à la suite des mouvements de bétail, jusque dans des zones auparavant indemnes de la maladie. (Fèvre et al. 2006)

Les maladies infectieuses sont transmises entre les hôtes selon divers mécanismes, transmission directe, vectorielle y compris l'air...

Chez l'homme, il est souvent difficile d'empêcher les contacts, notamment avec la facilité de voyage à longue distance. Toutefois, dans l'élevage et pour les animaux, les mouvements peuvent être l'objet d'une législation ou de contrôles notamment aux frontières : il y a alors une véritable opportunité pour réduire la transmission des maladies.

Commerce international

L'importance des mouvements d'animaux pour la transmission de pathogènes est bien connue. Des règlements internationaux existent pour atténuer les risques encourus au niveau international mais une grande partie du commerce est toujours fondée sur accords bilatéraux (Guibert et al. 2009) entre pays. Cependant, les pays membres de l'OMC sont liés par des accords sur l'application des mesures sanitaires et phytosanitaires (OMC, 2010) qui concernent la protection de la santé et du bien-être des personnes et des animaux. Garanties des normes de l'OMC, L'OIE a développé un code relatif à la santé animale et aux zoonoses pour les milieux aquatique et terrestre (OIE, 2010). L'objectif de ce code est d'assurer la sécurité sanitaire des échanges internationaux d'animaux terrestres en détaillant les mesures de santé qui doivent être utilisées par les autorités vétérinaires. Le rôle important d'une bonne infrastructure vétérinaire pour minimiser les risques de propagation de maladies est souligné. En dépit de ces réglementations, des flambées se produisent régulièrement à la suite de mouvements licites et illicites d'animaux.

Commerce transfrontalier

Plusieurs facteurs sont à prendre en compte dans les déterminants du commerce transfrontalier.

Le facteur climatique : En Afrique sub-saharienne, l'offre de bétail sur les marchés augmente généralement durant la saison sèche (octobre mai) car c'est à cette époque que les éleveurs vendent leurs animaux afin d'acheter des céréales, du fourrage et pour reconstituer leur cheptel d'animaux plus jeunes. En cas de mauvaise récolte agricole, les éleveurs vendront plus de bétail durant cette période pour profiter des prix encore favorables.

Le facteur économique : Le dynamisme des échanges de bétail au niveau régional est influencé naturellement par l'existence de bétail local pouvant se substituer aux importations.

Mais l'intensité du commerce régional ou transfrontalier dépend surtout de la rigueur des contrôles (donc de la possibilité de contourner les circuits officiels) et de l'importance des taxes officielles favorisant ou pas le commerce illégal.

Le facteur social : Les échanges sont déterminés par la demande en animaux et produits animaux, et donc par la croissance démographique humaine. L'urbanisation est un phénomène important, et les mégapoles d'Afrique du Nord entraînent des flux d'animaux depuis l'Afrique sub-saharienne vers l'Afrique du Nord. Certains grands marchés sont attracteurs d'animaux et de produits animaux dans les zones densément peuplées: régions côtières d'Afrique du Nord, golfe de Guinée, hauts-plateaux d'Afrique de l'Est, petites îles de l'Océan Indien...

Les difficultés d'accès aux marchés, la corruption, les conflits ethniques, l'insécurité, les guerres peuvent également entraver les échanges transfrontaliers (Abdurahman et al. 2006).

Transhumance

Les troupeaux transhumants peuvent disséminer rapidement des maladies contagieuses dans leurs déplacements. Cela met en péril le cheptel de régions entières, voire de tout un pays. Le problème devient particulièrement grave dans le cas de transhumances transfrontalières, cas fréquent en Afrique.

Au niveau régional, la majorité des pays pratiquant la transhumance a souscrit des accords bilatéraux, multilatéraux ou régionaux au sein d'organismes qui traitent de la transhumance (Abiola et al. 2005). Ces accords se contentent d'énumérer les principaux aspects relatifs à la mobilité des animaux, la préservation de l'environnement, l'utilisation durable des ressources pastorales, la gestion des conflits, les taxes ordinaires et les taxes en cas de destructions des biens.

Bien que la gestion de la transhumance relève généralement de l'Etat, son organisation lui échappe généralement. Elle est souvent décidée par l'éleveur ou des groupes d'éleveurs (Abiola, 2005)

Matériel et méthodes

Les données à utiliser dépendent de l'échelle de travail, du territoire analysé, des espèces ciblées...et de leur disponibilité. La méthode de travail doit prendre en compte la diversité animale et la variation spatio-temporelle à multi échelles et l'hétérogénéité des données. Le tableau suivant fait une synthèse des différentes sources de données, de leur format, zone, échelles et années disponibles.

	Souches virales ou bactériennes	Commerce international	Transhumance	Commerce transfrontalier, marchés	Données épidémiologiques
Zone	Du Sénégal à la péninsule arabique	Continental	Afrique	Afrique	Du Sénégal à la péninsule arabique
Echelle	Nationale	Internationale	Régionale Nationale	Régionale Nationale	Internationale
Sources	BDD Cirad GenBank Publications	Systèmes d'informations observatoires	Biblio	Biblio Observatoires	Site OIE
Pas de temps	Annuel Mensuel	Annuel	Saisonnier	Annuel	Annuel
Type de données	Qualitatives	Quantitatives	Qualitatives	Qualitatives Quantitatives	Qualitatives Quantitatives
Format	Excel Cartes ou tableaux	XML Web Services	Cartes Itinéraires	Cartes Fichier Shape	Web
Période	1960 à 2010	1990 à 2010		2010	Jusqu'en 2009

Tableau 1 : Les différentes sources de données.

Quelles données ?

Les maladies concernées

- fièvre de la Vallée du Rift
- peste des petits ruminants
- pleuropneumonie contagieuse caprine
- maladie de Newcastle

Bases régionales ou internationales des mouvements commerciaux, marchés

- *infrastructures (routes), frontières, rivières,*
- *densités populations*
- données zoo-sanitaires

Quelle zone ?

Zone d'étude : Du Sénégal - à la péninsule arabique

Quelle échelle ?

Echelle géographique : régionale, nationale, continentale.

Quelle période ?

Variation temporelle : De 1968 à 2010.

Quelles espèces ciblées ?

- *Pour PPR, FVR* : caprins, ovins, bovins, camélidés.
- *PPCC* : Caprins.
- Maladie de Newcastle : Volaille

1. Partie descriptive : données existantes.

1.1 Informations distribution pathogènes

1.1.1 OIE

A titre de démonstration, des données zoo-sanitaires disponibles sur le site de l'OIE (OIE, WAHID, 2011) ont été collectées manuellement pour la PPR de 2005 à 2010 et sur toute sa zone de distribution. Ces données ont été extraites à partir des rapports annuels de santé animale sur la notification de présence/absence des maladies. Mais seules ont été retenues les informations de présence de l'infection avec signes cliniques ou de présence de l'infection mais limitée à certaines zones.

1.1.2 Laboratoires de références

Des séries d'interviews au sein de l'UMR ont été menées pour faire une revue détaillée des données sur les souches virales ou bactériennes, leurs séquences associées, pour l'ensemble des pathogènes concernés et afin d'en préciser leurs points communs. Au fil des contacts il s'est avéré qu'un gros projet LIMS, de plusieurs laboratoires a été récemment initié. Les LIMS, 100% web prennent en compte tous les différents aspects de gestion du laboratoire : enregistrement des échantillons, traçabilité, conformité aux normes ISO 17025 et ISO 1518.

Le projet intègre déjà un volet "souchothèques" qui gérera les échantillons reçus au laboratoire pour diagnostic ou recherche. Pour toutes les analyses de laboratoire faites sous ce LIMS sur les échantillons collectés, suite à une identification d'une souche et après séquençage, les séquences seront enregistrées et liées à la souche.

La modélisation et développement d'une base de données prévue initialement doit être redéfinie pour tenir compte de ce paramètre : les données utilisées aujourd'hui ne proviendront pas de la même source demain. Pour ce travail, seule la partie d'identification de la souche nous intéresse avec sa caractérisation moléculaire (génotype ou lignée) et sa géolocalisation. Les données existent sous tableur Excel, spécifiques à chaque pathogène et nécessitent donc une homogénéisation.

La base de données des souches des virus et bactéries actuelles du Cirad a été enrichie avec des données issues des publications ou de la base de données scientifiques à laquelle contribuent d'autres laboratoires de référence. La base de données GeneBank (GenBank, 2011) est conçue pour fournir des informations de séquence d'ADN à la communauté scientifique. De nombreuses revues exigent la soumission des informations de séquences sur cette base de données avant la publication d'un article, de telle sorte qu'un numéro d'accension apparaît sur la publication. La banque de souches de virus et bactéries ainsi constituée rassemble l'ensemble des données publiées et géolocalisées pour lesquelles le génotype est connu, présentant un intérêt pour cette étude et concernant les 4 maladies retenues :

pour la PPR: Le laboratoire de référence dispose de nombreuses souches isolées ou caractérisées et des données concernant leur séquence. Ces souches ont été caractérisées à partir de tissus animaux (poumons, ganglions, rate, sang total), de prélèvements oculaires et nasaux sur écouvillons ou buvards provenant essentiellement des ovins et caprins. On dispose de 35 souches dont la collecte s'est étalée dans le temps de 1968 à 2009. Une centaine de prélèvements a été effectuée au Sénégal en 2010 sur des chèvres (90%) et des moutons (10%). Pour ce travail, ne seront exploitées que les données prélevées à partir de 1999 et la zone sera "restreinte" à l'Afrique de l'ouest jusqu'à péninsule arabique. La caractérisation génétique des souches du virus de la PPR a permis de les classer à ce jour en quatre lignées sachant que la lignée 1, antérieure à 1999 ne sera pas traitée. Jusqu'à 2004 environ la répartition géographique des lignées était clairement définie. Les lignées I à III ont été historiquement caractérisées comme étant des souches africaines, respectivement localisées d'ouest en est du continent. La lignée IV était strictement une lignée asiatique. Jusqu'à récemment, peu d'émergences ou de réémergences de lignées exotiques à un territoire ont pu être décrites de par le monde. Cependant avec l'augmentation des échanges commerciaux et des mouvements d'animaux, on observe l'émergence de lignées exotiques dans plusieurs régions d'Afrique.

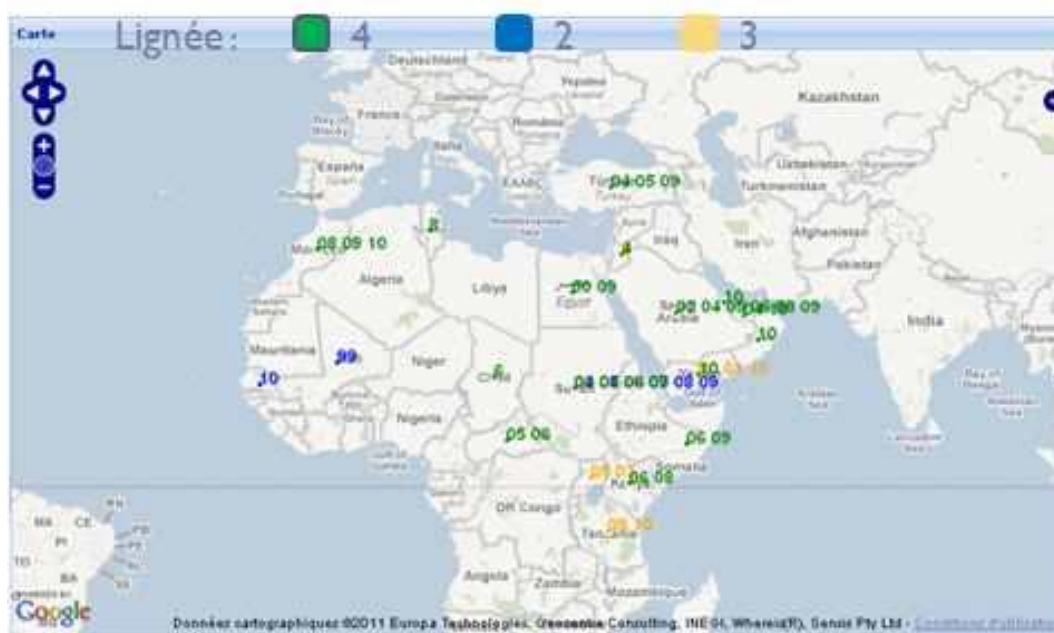


Figure 6 : Distribution des lignées pour la PPR depuis 1999

pour la PPCC: Les données ont été prélevées sur des chèvres dont une sauvage. L'équipe de bactériologie dispose de 26 souches isolées de 1976 à aujourd'hui. La caractérisation génétique des souches de la bactérie de la PPCC a permis de les classer à ce jour en 5 groupes (Lignée 1 : groupe 1 et 2, Lignée 2 : groupe 3, 4 et 5). Les données antérieures à 1990 sont jugées trop anciennes (au regard des données commerciales) et la partie asiatique ne sera pas considérée car hors zone d'étude.

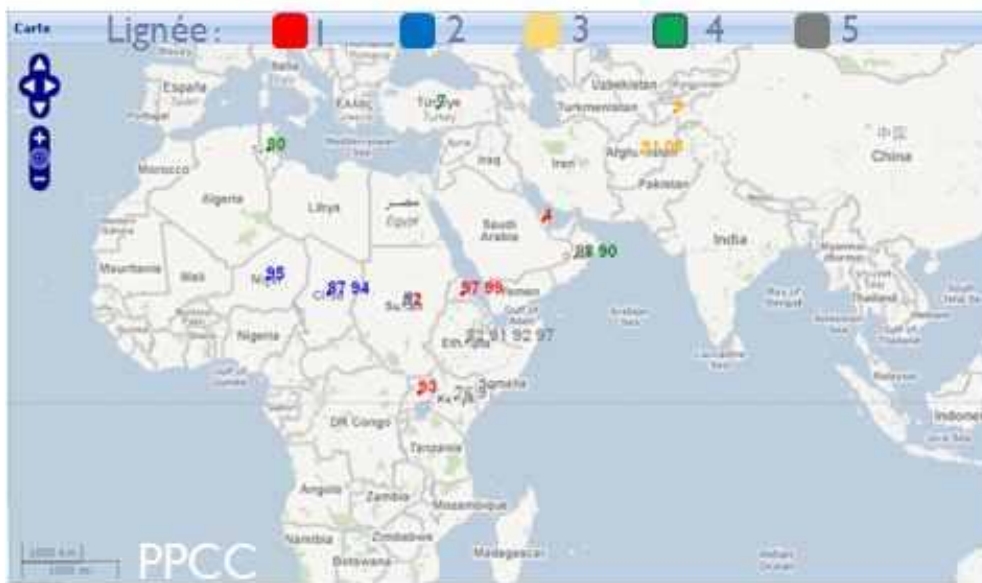


Figure 7 : Distribution des groupes pour la PPCC depuis 1990

Pour la maladie de la Newcastle: L'isolement et la caractérisation génétique du virus ont été réalisées à partir de 50 prélèvements, provenant essentiellement d'Afrique de l'Ouest. On dispose de souches de quelques cas isolés au Kenya en 1990 et à Madagascar en 1992 et 2008.



Figure 8: Distribution des groupes pour la Newcastle depuis 1990

pour la FVR : Les échantillons (sérums, foie, sang) ont été prélevés sur des humains ou des bovins. En observant la carte de distribution des différentes souches de FVR, très peu de données génotypées sur la base d'un pays et d'une année sont disponibles. Par contre, les données pour Madagascar (50 souches) sont espacées dans le temps sur plusieurs mois et chaque souche est finement géolocalisée à une échelle régionale

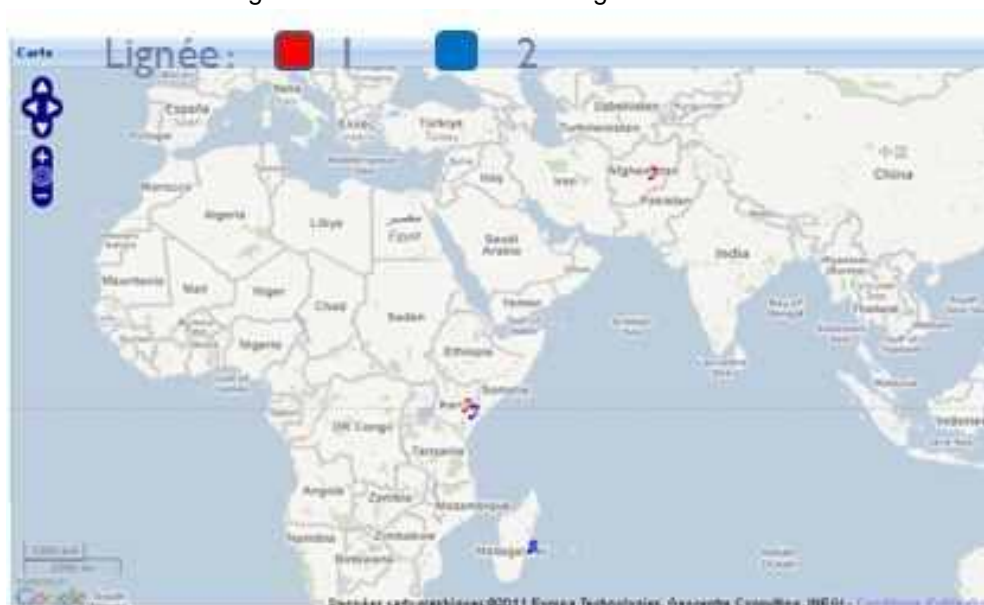


Figure 9 : Distribution des groupes pour la FVR depuis 2000

1.2 Informations “Mouvements des animaux”

1.2.1 Couches SIG

Google (via Google Maps API V3) streets, hybride et satellite donnent les couches des pays, frontières, capitales, éventuellement barrières naturelles (rivières, montagnes)...

FEWSNET procure sous forme de carte de flux des informations sur les marchés et des échanges transfrontaliers pour le bétail de l'océan atlantique à la mer rouge.

1.2.2 Bases de données internationales

Un travail de synthèse sur les systèmes d'information et observatoires sur les marchés est fourni en annexe pour notre zone d'étude.

De cette étude comparative, il ressort que la base de données de l'UNComtrade, United Nations Comtrade database, DESA/UNSD répond parfaitement aux besoins de par sa couverture géographique (200 pays), l'étendue de ses données (de 1962 à 2010), son système de classification (HS décrit ci-dessous) et surtout la mise à disposition des données (gratuites) sous forme de web service ou de fichier Excel.

Le Système harmonisé (HS) est une nomenclature internationale pour la classification des produits. Il permet aux pays participants de classer les marchandises échangées sur une base commune à des fins douanières. La classification des animaux vivants se répartit comme suit :

01 Live animals

0101 horses, asses, mules and hinnies, live

0102 bovine animals, live

0103 swine, live

0104 sheep and goats, live

0105 chickens, ducks, geese, turkeys, and guineas, live

0106 animals, live, nes (not elsewhere specified or indicated).

Tableau 2 : Classification des animaux vivants selon UNCOMTRADE

Le système en ligne donne des indications concernant les sources d'information et les méthodes de traitement, les dates de diffusion, les révisions des données lorsque des informations additionnelles deviennent disponibles, la période de référence, le type de données publiées, la confidentialité...

Les pays fournissent des quantités et non pas des mesures de valeurs. Pour ce qui concerne les animaux, cela peut être un poids, un nombre de têtes, un nombre de milliers de têtes (pour la volaille par exemple). L'utilisation d'unités de quantité sert à vérifier la fiabilité des données et à construire les indices des valeurs, des indices de prix ou de volume sont calculés par l'application de modèles de Laspeyres, Paasche ou Fisher.(Contrade, 2011)

On a utilisé les données d'import et d'export car ces deux informations ne sont pas forcément symétriques. Les importations déclarées par un pays ne coïncident pas obligatoirement avec les exportations déclarées par son partenaire commercial.

La division "Production et santé animale" de la FAO a fait une compilation de statistiques du bétail au niveau international. Les données sont converties en cartes de densités. Les densités animales (Wint et al. 2007) sont calculées en fonction de la quantité de terres propices à l'élevage, en excluant, par exemple, des lacs, des villes et des zones protégées. Les statistiques du bétail observées proviennent de différentes années dans les différents pays, pour chaque espèce

1.2.3 Bibliographie

La bibliographie sur la transhumance a permis de récupérer des données qualitatives, à partir essentiellement de cartes ou de description d'axes de déplacements. Généralement, ces informations sont à un niveau local, régional ou transfrontalier mais toujours divisées en deux périodes : saison sèche et saison des pluies.

Les informations sur les marchés trouvées dans la bibliographie sont des cartes, des listes de lieux catégorisés en marchés primaires, secondaires... et quelques fois les données sont quantitatives donnant un nombre de têtes vendues ou prix en US\$ du bétail vendu.

Il faut localiser (latitude/longitude) les lieux, digitaliser les cartes, pour ensuite les géo-référencer. Les informations ainsi récoltées peuvent ensuite être transformées en couche SIG.

2. Méthodes

2.1 Démarche

Un moyen de comparer deux séquences est d'évaluer leur similitude et leur différence. Suite à un alignement de séquences d'ADN, on peut déterminer une distance entre deux séquences, par le nombre de nucléotides qui diffèrent. Les analyses phylogéniques indiquent donc un degré de parenté génétique entre les souches isolées au départ et à l'arrivée des sites des différents flux de mouvements des animaux.

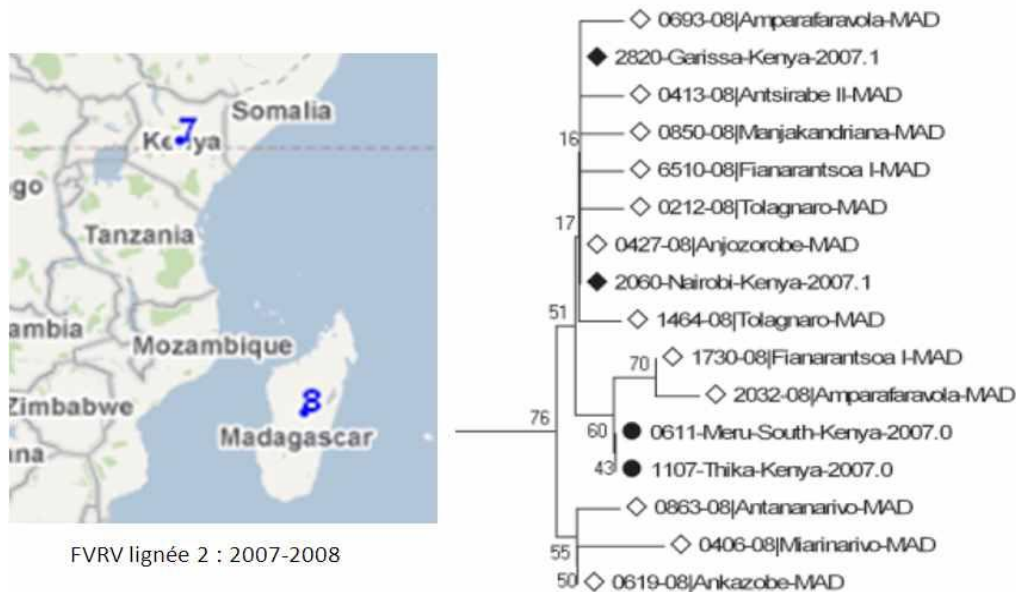


Figure 10 Similitudes des souches kenyanes et malgaches

Ici, l'arbre phylogénique montre qu'il y a peu de différences entre les souches en circulation à des centaines de kilomètres de distance : la souche (FVR) identifiée à Madagascar en 2008 présente de fortes similitudes à celle isolée au Kenya en 2007.

La démarche consiste à conforter ces informations révélées par les analyses moléculaires sur les déplacements à l'aide des données sur les mouvements des animaux (commerciales ou de transhumance). Afin de mettre en évidence une corrélation possible, il faut superposer à ces informations génétiques connues des informations sur la mobilité animale.

2.2 Outils

Les SIG permettent de lier entre elles les données génétiques et environnementales ou commerciales, provenant de sources diverses via un langage commun géoréférencé. Les SIG facilitent l'intégration et l'interrelation des toutes ces données : ils apportent un environnement informatique permettant la saisie ou collecte, l'analyse et la visualisation de données géographiques, et donc de former des systèmes intégrés d'information.

Pour le choix des outils et des technologies, il y avait plusieurs contraintes à prendre en compte qui ont été déterminantes. Ces contraintes sont liées au fait que nous souhaitons que l'outil développé soit partagé entre différents (éventuellement nombreux) partenaires, sur une base collaborative, de manière à ce que la base de données puisse être alimentée par tous et à distance :

1. Application en ligne ouverte à tous, basée sur un SIG permettant de d'organiser, d'analyser et de combiner des informations localisées géographiquement.
2. Dynamique et interactivité de l'application.
3. Interopérabilité entre diverses applications, plateformes, services.
4. Décloisonner les services pour mieux partager et échanger et favoriser la remontée d'information pour les internautes.
5. Outils pouvant être hébergé par les serveurs du CIRAD (systèmes Linux).
6. Gratuité des outils mais avec une communauté importante de développeurs et de participants.

Les différentes briques logicielles utilisées pour mettre en place une solution répondant à tous ces critères ne seront pas considérées dans le détail mais seules sont listées les principales "solutions applicatives" (techniques, systèmes, logiciels, scripts bibliothèques,...) retenues :

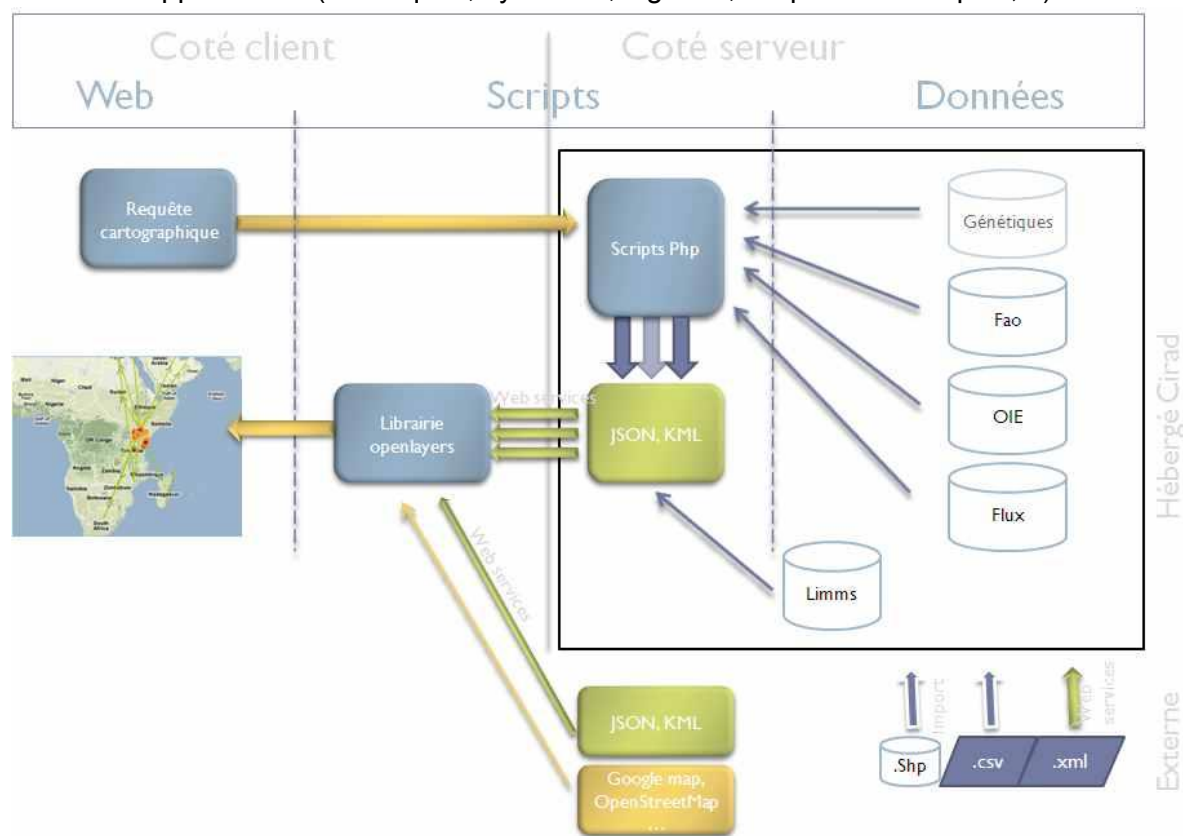


Figure 11 : Architecture de la solution

L'architecture est de type client/serveur, c'est-à-dire qu'un ordinateur dit serveur répond aux requêtes d'une série d'ordinateurs dits clients (en l'occurrence le navigateur).

Le **Web Mapping** (cartographie en ligne) se trouve à la croisée de techniques alliant la gestion de données relationnelles, la représentation et l'analyse spatiale, la programmation en langage de script.

Il a été choisi de n'utiliser que des **solutions Open Source** (gratuites et libres d'utilisation).

Grâce aux **web services, WS** (programme permettant les échanges de données entre 2 services ou systèmes), les applications peuvent être vues comme un ensemble de services, structurés dialoguant selon un standard.

- Le premier avantage est la facilité de maintenance de l'application et son interopérabilité permettant de modifier facilement un composant (un service) pour le remplacer par un autre, éventuellement développé par un tiers. Grâce à cette technologie, on pourra ainsi récupérer les informations génétiques à partir de la base de données du LIMS, plutôt qu'à partir de la base de données actuelles juste en adaptant ce service, sans impact sur le fonctionnement général de l'outil.
- Le deuxième avantage est de décloisonner les services et de permettre la remontée d'information.

- Coté serveur, **PostgreSQL** et son extension spatiale **PostGIS** (Postgis, 2011) est le système de gestion de bases de données relationnelles le plus abouti dans le domaine du logiciel libre. PostGis permet la manipulation d'informations de géométrie (points, lignes, polygones) et l'analyse spatiale.

- Coté serveur encore, des Web Services sont développés, en langage **PHP** à partir de la base de données et sont mis à disposition via les formats **JSON** ou **KML** qui sont des formats légers et textuels pour l'échange de données mais spécialisés pour leur contenu géographique.

- Coté client, **OpenLayers** (Openlayers, 2011) et **GeoExt** (bibliothèques de scripts) sont utilisés pour générer dynamiquement une carte en réponse à une requête.

2.3 Méthodes

2.3.1. Modéliser les données génétiques

Les informations génétiques se trouvent initialement dans leur ensemble sous forme de fichier Excel. Les données ont été reformatées et importées dans la base de données. Si pour une souche, les informations concernant la géolocalisation est au niveau pays, c'est le centroïde du pays qui sera associé, si le niveau de détail permet plus fin, on tirera partie de cette précision.

Afin de compléter les collections Cirad, certaines données ont été récupérées à partir des bases de données scientifiques ou de leurs publications associées. Le même travail de reformatage et de géolocalisation a été effectué pour ces informations mais à partir de fichier pdf.

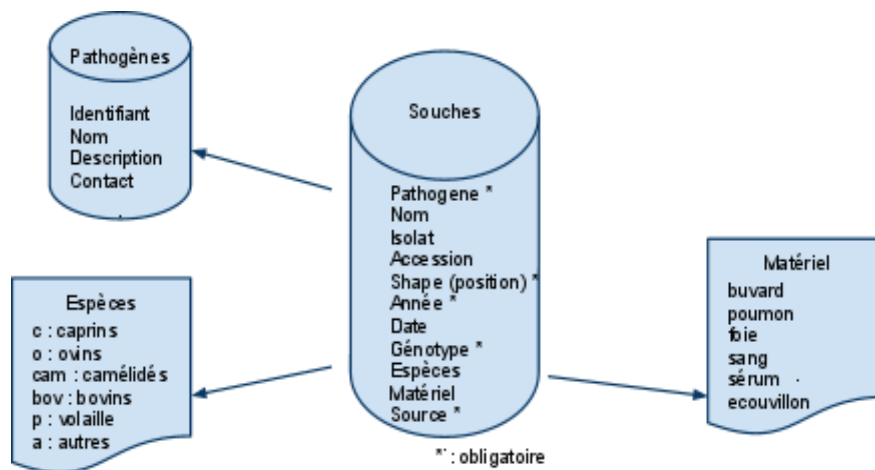


Figure 12 : Structure des données génétiques

La table *souches* ainsi constituée contient plus de 400 items. Ce nombre devrait rapidement augmenter avec les travaux en cours au CIRAD et chez ses partenaires sur la PPR, la FVR et la maladie de Newcastle en particulier.

2.3.2. Modéliser le mouvement animal

- **Caractériser** un flux, parcours, circuit : point de départ, point d'arrivée, date ou année, temporalité (saisonnier, occasionnel, annuel) ;
- **Quantifier** : intensité des flux ;
- **Classifier** : espèces concernées, typologie (import, export, commerce transfrontalier, régional, transhumance)

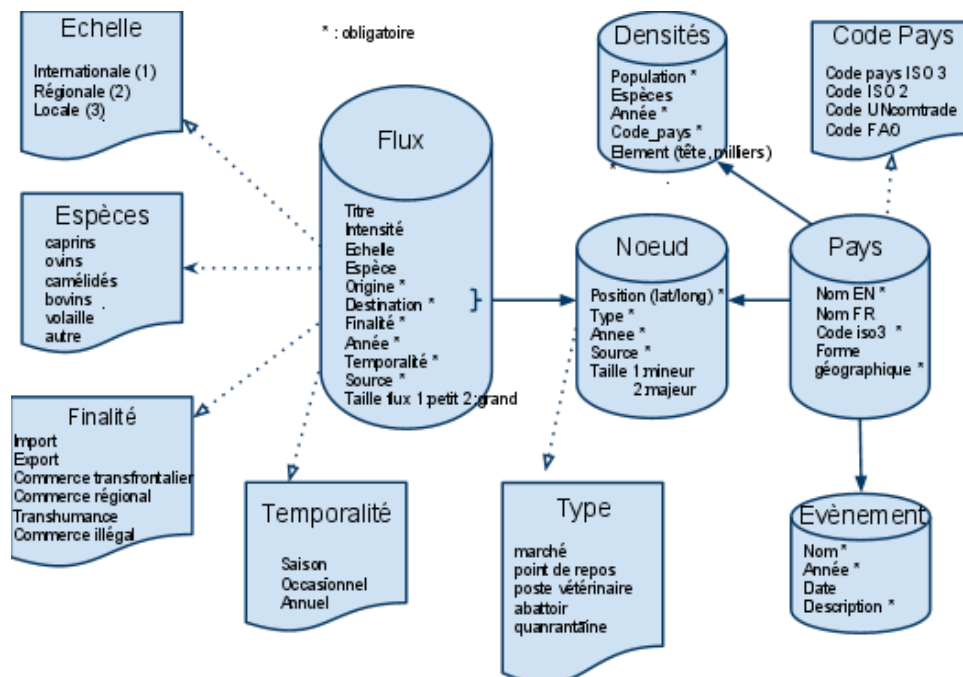


Figure 13 : Structuration des données.

Les attributs suivis d'une étoile correspondent au minimum nécessaire pour faire fonctionner le système.

La table flux contient actuellement plus de 4000 items. Comme pour les données sur les pathogènes, ce nombre va augmenter quand de nouvelles sources d'information seront exploitées (notamment transhumances) et quand des enquêtes ad hoc seront réalisées dans le cadre des projets de recherche menés par le CIRAD et ses partenaires.

Les données issues des plateformes internationales telles que Uncomtrade (UN Comtrade, 2011) et la FAO (FAOSTAT, 2011) ont été récupérées via un web service, puis reformatées et importées sous PostGres,

Les indicateurs commerciaux sont stockés dans la table *Flux* et pour les données de la FAO, dans la table *Densités*.

Les pays retenus pour la zone d'étude sont : Algérie, Arabie saoudite, Bahreïn, Burkina Faso, Cameroun, Chine, Egypte, Emirats arabes unis, Erythrée, Ethiopie, Israël, Jordanie, Kenya, Koweït, Liban, Libye, Madagascar, Mali, Mauritanie, Maurice, Mayotte, Maroc, Mozambique, Niger, Nigéria, Oman, Qatar, Sénégal, Somalie, Soudan, Syrie, Tchad, Tunisie, Turquie, Ouganda et le Yémen pour les années de 2000 à 2010.

Pour UNComtrade (UN Comtrade, 2011), à chaque flux correspond un nœud (centroïde du pays) de départ et un nœud d'arrivée.

- Pour les données extraites de la bibliographie, le logiciel ARCGIS (ARCGIS, 2011) a été utilisé pour le géo-référencement des cartes numérisées et pour transformer ensuite ces flux en couches SIG afin de pouvoir superposer ces informations régionales ou nationales avec les autres couches SIG à l'échelle continentale.

Le fichier de forme **des flux**, importé dans la table *flux*, contient sous ArcGis les attributs suivants :

Fid, *Shape* (polyligne), *annee*, *type_flux* (1 import, 2 export, 3 commerce transfrontalier, 4 commerce régional, 5 transhumance, 6 commerce illicite), *source*, *tempo* (ss : saison sèche, sp : saison pluvieuse, a: annuel, o: occasionnel), intensité (taille du flux 1 : petit ; 2 : grand).

Le fichier de forme des marchés, importé dans la table *nœuds*, contient sous ArcGis les attributs suivants :

Fid, *Shape* (point), *annee*, *type* (1 marché ; 2 point de repos ; 3 poste vétérinaire ; 4 abattoir ; 5 quarantaine), *source*, taille (1 : mineur ; 2 : majeur).

2.3.3. Connaître la dissémination des pathogènes et leur déplacements

La première des choses est de comprendre les données collectées et de visualiser la distribution spatiale des 4 maladies : PPR, PPCC, Newcastle et FVR.

Pour cela, des cartes de synthèse permettent d'avoir une vue d'ensemble de la zone de répartition des maladies pour lesquelles il y a eu une caractérisation moléculaire. Chaque groupe et lignée sont distinctement identifiés sur plusieurs années.

Pour chaque maladie et chaque pays de prélèvement, on associe une ou plusieurs dates (de collecte) et on indique son génotype ou groupe par une couleur (de 1 à 9 max).

Ces cartes permettent d'une part de faire un contrôle visuel de la saisie des données. Elles permettent aussi et surtout de regrouper visuellement par pays les occurrences de chaque lignée pour comprendre leur dissémination dans le temps et dans l'espace. (Figures 6,7,8,9)

2.3.4. Animation spatio-temporelle.

Pour visualiser les différentes informations - données génétiques, marchés, relief, routes, frontières, fleuves, densités animales, flux commerciaux internationaux ou transfrontaliers, circuits transhumance et données zoo-sanitaires de l'OIE (OIE, 2011) - on va définir autant de couches d'informations pour lesquelles les données sont stockées de façon géolocalisée (longitude, latitude).

Le système d'information géographique permet de superposer ces différentes couches à des échelles différentes (régionale, nationale, continentale) de manière dynamique sous forme de polygones pour les densités, de lignes orientées pour les flux, de points pour les marchés ou les lieux de prélèvements des échantillons.

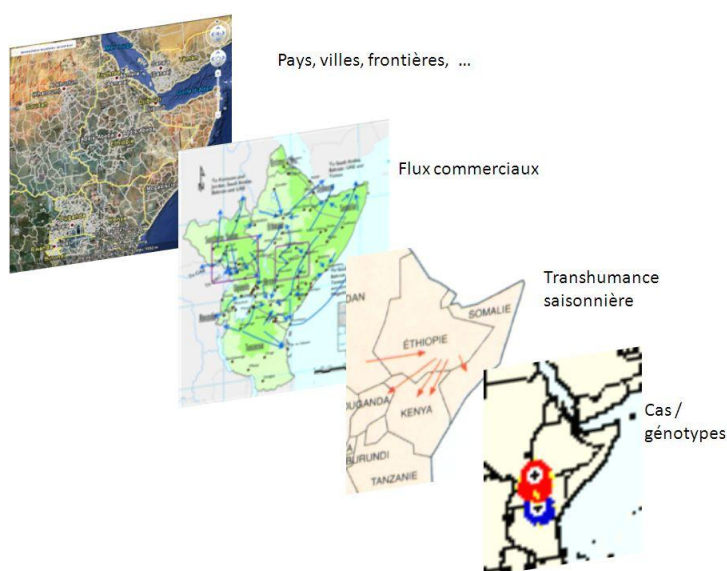


Figure 14 : Les SIG et la superposition de couches

Mais il manque une composante temporelle au SIG pour la visualisation répétée dans le temps : comment les données se déplacent au cours du temps, au fil des années ou des mois ?

La carte de répartition décrite au paragraphe précédent a été réalisable parce que les collections de souches au CIRAD ne sont pas très fournies et qu'on ne croise aucune autre information. Mais cette approche est peu appropriée pour un volume plus important d'information. Elle est figée et ne rend pas compte d'une chronologie ou dynamique temporelle de la diffusion de la maladie. Une animation (Cheylan, 2007) a été imaginée pour prendre en compte cette dimension temporelle et visualiser ces séquences d'informations chronologiques. Si l'échelle d'affichage choisie est de niveau continental, un pas de temps annuel est proposé. Si le niveau de zoom sur la carte est régional et que les données collectées le permettent, il est possible alors de basculer sur un pas de temps mensuel. En effet, une transhumance par exemple va se dérouler sur 200 km, sur quelques mois seulement, alors que les données des

flux d'importation entre pays sont fournies annuellement et concernent souvent plusieurs centaines de km.

Il est intéressant d'observer les échanges à grande échelle et de comprendre comment un virus ou une bactérie peuvent parcourir des grandes distances ou changer de continent en quelques années (Fèvre et al., 2006). Mais il est tout aussi important de visualiser la propagation d'une maladie localement dans un laps de temps très court pour voir comment elle se déplace d'un site à un autre et de voir si cela correspond à certains circuits commerciaux ou de transhumance. Ce pas de temps n'est exploitable que si les prélèvements ont été effectués dans un intervalle de temps lui aussi très court, et surtout s'ils ont été géoréférencés avec précision au niveau local.

Pour symboliser l'intensité du mouvement d'un flux, des épaisseurs différentes de lignes sont utilisées selon que le type de flux est large ou petit, une flèche indique la direction. A l'échelle d'une année, les variations temporelles telle que transhumances saisonnières sont symbolisées par une couleur de ligne différente.

3.2.3 Indicateurs "Risques potentiels"

Il s'agit de comparer de la situation sanitaire entre pays.

Un flux potentiel repère les pays où les maladies sont présentes (virus ou bactéries isolés par PCR) dans le pays exportateur mais absentes dans le pays importateur. Il pourra être considéré comme présentant un risque potentiel dans les échanges internationaux.

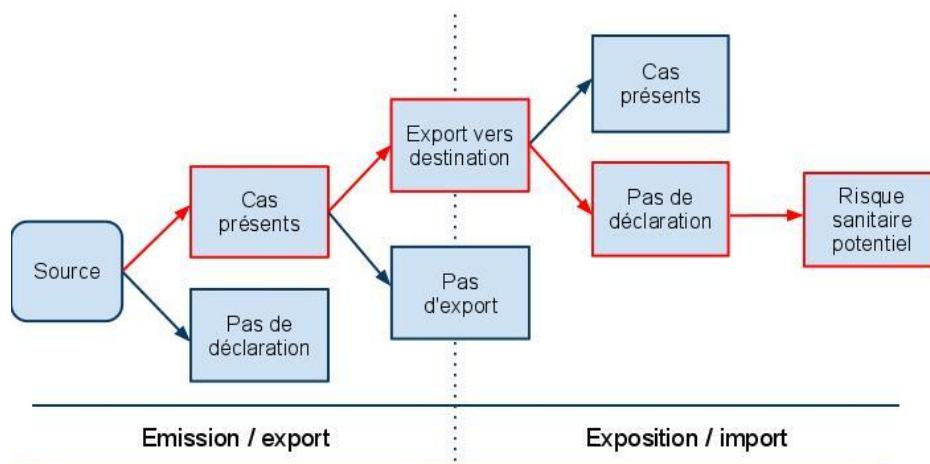


Figure 15 : Détermination du « flux de risque potentiel »

Cet indicateur est un outil pour améliorer la lisibilité de la carte. Il ne tient pas compte de l'intensité des échanges, des changements éventuels induits par différentes actions, événements ou mesures ni facteurs biologiques.....Il ne peut être interprété comme une estimation du risque. Il permet de ne pas surcharger la carte en affichant tous les flux d'échanges mais de ne retenir que ceux qui pourraient présenter un risque sanitaire potentiel.

Un autre indicateur, selon la même méthode, pointe les pays où les maladies sont absentes dans le pays importateur mais présentes dans le pays exportateur, selon les déclarations OIE. Ceci a été fait uniquement à titre de démonstration et sur une seule maladie, la PPR.

Résultats

Fièvre de la Vallée du Rift

Plusieurs souches de FVR ont été isolées et ont circulé du Kenya à l'Afrique du sud en 1997/1998 et la littérature fait valoir la possibilité d'une introduction de ce virus en Arabie Saoudite en 2000. Les données correspondant à ces différentes souches sont présentes dans notre banque de données, mais elles ne sont pas associées à une lignée précise, elles ne sont par conséquent pas exploitables. Mais les données les plus intéressantes pour cet agent pathogène est la propagation de l'épidémie/épizootie du Kenya - Somalie - Tanzanie 2006/2007 (Bird et al. 2008) avec une dernière incidence à Madagascar en 2008 (Andriamandimby et al. 2010). Cette épizootie/épidémie dans la province Nord-Est du Kenya et par la suite en Tanzanie a contraint l'Ethiopie et les Emirats Arabes Unis à imposer pendant près de 9 mois, un embargo sur l'exportation de bétail et de viande.

En 2007, plusieurs foyers ayant entraîné des pertes de vies humaines ont été signalés au Kenya et en Tanzanie et des cas ont été déclarés en 2008 à Madagascar.

En premier lieu et au regard de l'outil, un passage à l'échelle régionale pour ces différents pays avec un affichage des routes et les marchés permet de visualiser d'une part l'installation des marchés le long des routes et d'autre part la localisation des souches autour de ces points de rassemblement.

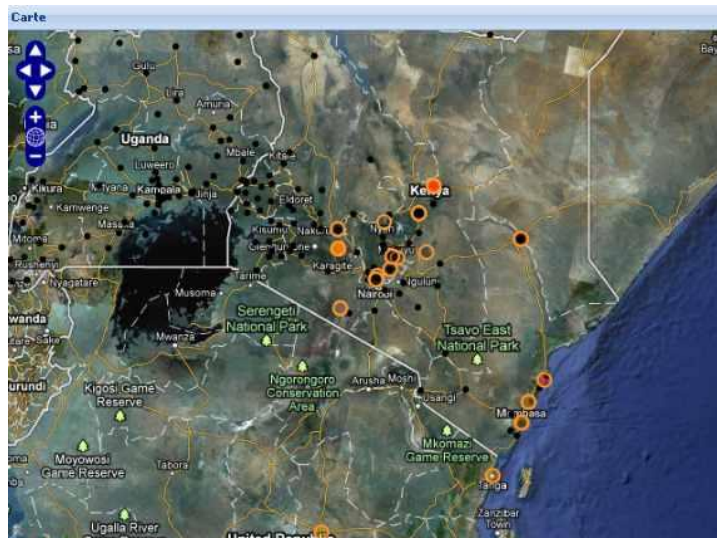


Figure 16 : Marchés et Souches FVR en 2007

D'autre part, la carte montre précisément un "flux potentiel de diffusion" qui part du Kenya et qui se dirige sur Madagascar indiquant une exportation d'animaux potentiellement à risque. Par ailleurs, l'arbre phylogénétique (Andriamandimby et al. 2010) montre bien les homologues entre les souches kenyanes et malgaches.

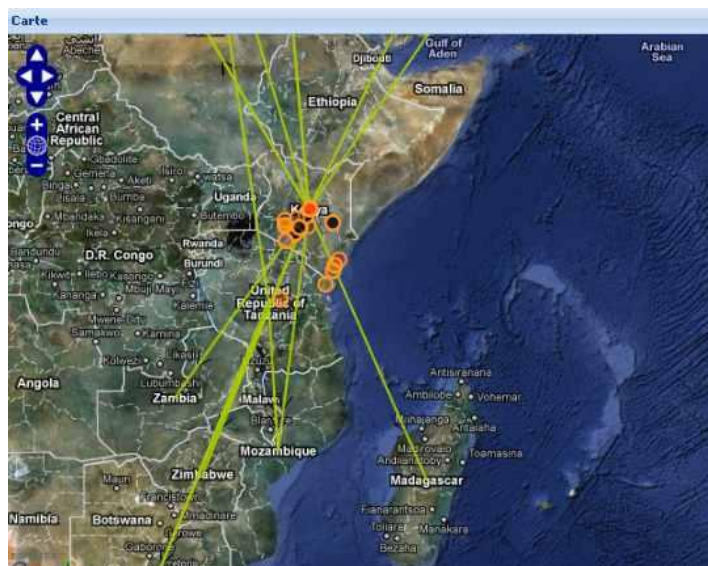


Figure 17 : Flux potentiel de diffusion, 2007

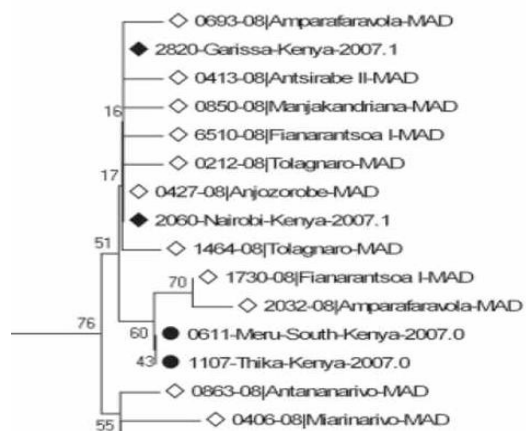


Figure 18 : Arbre phylogénique FVR

Mais sur le plan épidémiologique, la nature et le type d'échange sont primordiaux. Il ne s'agit pas d'animaux de ferme. L'institut de statistiques malgaches étant cité comme source de cette information, a été contacté pour donner des précisions sur ce flux. L'importation illégale ne peut être exclue.



Figure 19 : Localisation des souches FVR à Madagascar en 2008

Si on zoome sur l'île de Madagascar en 2008, le système développé détecte des données avec un pas de temps plus fin et fait apparaître une loupe nous permettant de passer à une animation mensuelle.

Les mouvements du bétail des zones rurales vers les villes de province et entre les villes de province et Antananarivo, pourrait expliquer la propagation rapide du virus. Cependant, il est impossible de donner avec précision le lieu où l'épidémie a commencé, la réémergence de RVFV de différents endroits ne peut donc pas être exclue.

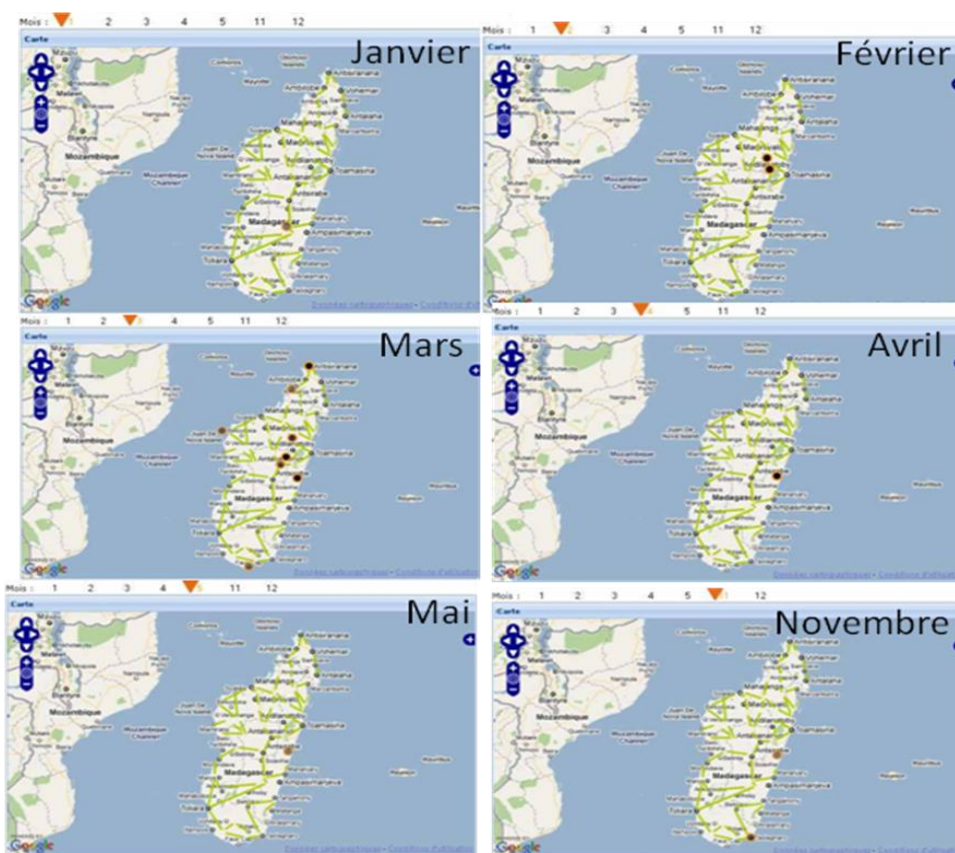


Figure 20 : Suivi des prélèvements mois par mois, Madagascar, 2008

Péripnéumonie contagieuse caprine

Les données disponibles s'échelonnent sur de longues périodes pendant lesquelles on n'a pas d'informations rétrospectives sur les échanges commerciaux, ou ces informations sont trop espacées dans le temps pour arriver à retracer un hypothétique itinéraire spatio-temporel de la propagation de la maladie. Par exemple le même génotype de souche a été observé en Turquie en 2007, mais aussi en Tunisie en 1980, et à Oman en 1990 (Lorenzon et al, 2001). Il est impossible ici de proposer un circuit de diffusion possible pendant une si longue période.

Tchad et Niger 1994-95

Pour le Tchad (1994) et Niger (1995), il s'agit du même groupe phylogénétique de Mccp, et on aurait pu tenter d'émettre une hypothèse de circulation des animaux malades au regard des flux de commerce transfrontaliers entre le Tchad et le Niger, ou de transhumance via le lac Tchad. Mais on sait, grâce aux collègues ayant effectué l'enquête épidémiologique sur le foyer de PPCC à la source du prélèvement, que suite à des troubles dans la région frontalière du Niger et du Tchad, ce sont des passages illégaux de chèvres du Tchad vers le Niger qui sont à l'origine de la propagation de la maladie.

Beaucoup d'autres facteurs (climatiques avec une sécheresse, économiques avec des taxes officielles trop importantes poussant les éleveurs au commerce illégal, guerres...) peuvent avoir été autant d'autres déterminants sur le déplacement de ces chèvres. Or, le système ne tient pas

compte du commerce illicite. Compte tenu de l'importance du commerce informel en Afrique, il convient d'ailleurs de s'interroger sur la manière d'intégrer de telles données dans le système d'information.

- On pourrait incorporer une couche d'information géographique sur les zones de conflit, indexée dans le temps de manière à pouvoir prendre en compte l'élément chronologique dans les analyses. L'exemple récent de la situation socio-politique en Afrique du Nord et au Moyen Orient, et les conséquences prévisibles en matière d'émergence de troubles sanitaires, souligne l'importance de cette prise en compte.
- Une autre possibilité serait de réaliser des enquêtes *ad hoc*, en concertation avec les services vétérinaires des pays concernés. Cela nécessite l'établissement de relations de confiance et de transparence mutuelle qui ne sont pas toujours présentes à l'heure actuelle. La constitution de réseaux régionaux tels que le REMESA en Afrique du Nord et en Europe du Sud, ou du réseau AnimalRisk dans l'Océan Indien, devraient permettre d'améliorer progressivement cette situation.

Quant à la transhumance, il aurait fallu avoir un pas de temps plus fin sur les dates des prélèvements pour reconstituer une chronologie au cours d'une année. Il semble difficile d'avoir dans le futur des informations en temps réel sur ces mouvements de transhumance. Cependant, l'enregistrement des tendances et des grands changements semble possible. L'information est souvent disponible mais éparpillée dans de nombreux organismes et projets de développement pastoraux.

Soudan et Ouganda 1992-93

En 1992 on trouve une souche de lignée 1 de Mccp au Soudan, lignée que l'on retrouve en 1993 en Ouganda. Il n'y pas d'informations signalant des exportations entre ces deux pays mais ces deux voisins sont déjà à cette époque membres de IGAD, Autorité intergouvernementale pour le développement, dont un des objectifs est de « créer un environnement favorable pour le commerce et l'investissement étranger, transfrontières et domestique ».

D'autre part, à cette époque, le Sud du Soudan et le Nord de l'Ouganda (province du Karamoja) étaient une zone de haute insécurité, avec un mouvement de guérilla rendant les investigations épidémiologiques extrêmement dangereuses, tout en favorisant les trafics de toutes sortes. La peste bovine y sévissait encore et il a fallu des efforts internationaux considérables pour l'éradiquer. Enfin, de grands mouvements de transhumance existent entre le Sud du Soudan et l'Ouganda depuis très longtemps, et sont encore très vivaces. Ces deux facteurs (insécurité et transhumance) sont à même d'expliquer des introductions de pathogènes de part et d'autre des frontières des deux pays.

Dans ces zones de l'Afrique de l'est, comme dans la partie asiatique, il faut faire attention aux interprétations car une maladie peut exister depuis longtemps; elle n'aura simplement pas été déclarée.

Péninsule arabique

Au Moyen orient on trouve presque tous les groupes phylogénétiques de Mccp parce que la péninsule arabique est une véritable plaque tournante du commerce du bétail entre Asie, Afrique et Europe (et même Amériques avec des importations massives de bovins vivants au

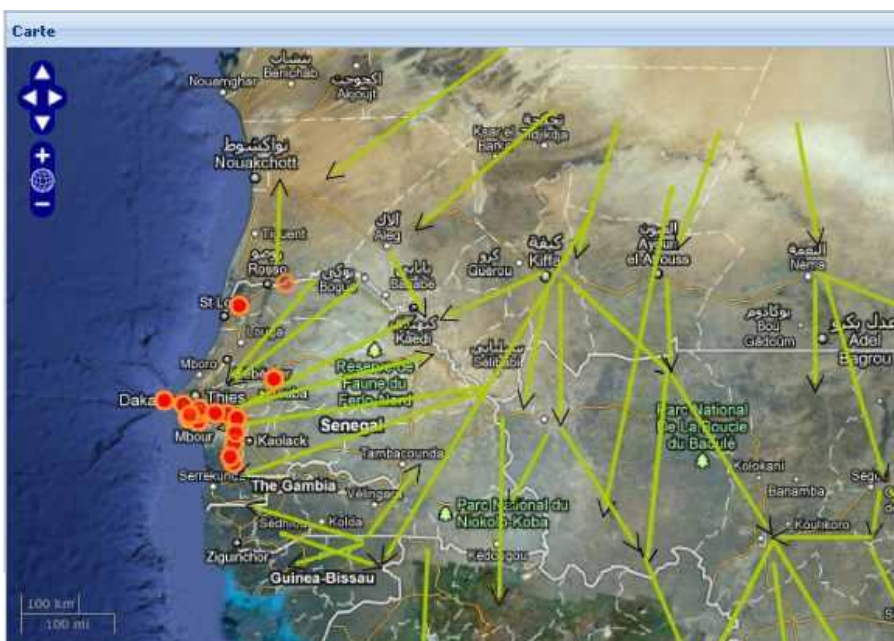
Liban, en provenance du Brésil notamment). On peut ici vérifier qu'il existe bien des flux de l'Afrique et de l'Asie vers le Moyen Orient, Arabie Saoudite, Yémen, Oman, Qatar qui importent de partout et de la Corne de l'Afrique en particulier. Mais là encore, on n'explique rien.

PPR

Afrique de l'ouest

La lignée I est située sur la partie côtière du continent africain (Cote d'Ivoire, Sénégal, etc...) , alors que la lignée II circule dans les pays situés à l'intérieur Burkina Faso, etc.. (Banyard et al. 2010). Aucun mélange de lignées n'a été observé entre ces deux régions jusqu'à récemment, mais les données de séquence soient assez peu nombreuses. On observe maintenant la circulation des souches PPRV des deux lignées I et II dans des foyers d'Afrique de l'Ouest.

Pour le Sénégal, par contre, dans le cadre d'un master co-encadré par le Cirad et l'Isra (Salami. 2010), il y a eu en 2010 de nombreuses analyses effectuées. Les séquences obtenues à partir des zones de collecte ont permis de voir pour la première fois, l'entrée de la lignée II dans ce pays situé dans une région où circule normalement la lignée I. Toutes les souches du Mali ont été caractérisées de lignée II.



Bien qu'une ligne ferroviaire relie ces deux pays, qu'il y ait énormément d'échanges commerciaux entre le Mali et le Sénégal, la petite zone d'étude ne permet de dégager aucune hypothèse. Les données correspondent juste à la zone d'étude et de prélèvement.

Figure 21 : Localisation des souches PPRV, 2010, Sénégal.

Il y aurait eu un intérêt épidémiologique de voir au niveau régional le déplacement du virus au rythme des transhumances ou du commerce local, mais la période de collecte des données (3 mois) est trop courte.

Afrique du Nord

L'Afrique du Nord, à part l'Egypte qui a une situation d'enzootie depuis 1989, était indemne de la PPR jusqu'en 2008, date où l'on a observé l'introduction massive de la PPR.

Pour expliquer l'introduction de la lignée IV vers le Maroc, plusieurs hypothèses pouvaient être envisagées : sans l'aide de l'épidémiologie moléculaire, on aurait été tenté de croire que le virus venait d'Afrique sub-saharienne (Mali, Mauritanie, Sénégal) par des élevages transhumants, ou du Liban puisqu'en 2007, la seule déclaration d'importation officielle vers le Maroc provient du Liban. Or au Maroc, les PPRV isolés appartenaient tous à la lignée IV alors qu'en Afrique de l'Ouest, circulent plutôt des lignées I et II, et au niveau de la péninsule arabique plutôt des lignées III et IV. L'origine de l'épizootie marocaine demeure ainsi inconnue même si des études sérologiques et des investigations par PCR sur foyers cliniques ont récemment confirmé des signes d'infection de PPRV en Algérie et Tunisie. Le virus est d'ailleurs probablement présent, actuellement, dans les autres pays d'Afrique du Nord : Libye et Egypte.

La littérature (Banyard et al, 2010) décrit que le circuit le plus probable est du Soudan, via l'Egypte. Mais on ne dispose pas suffisamment d'informations sur les échanges commerciaux ni même sur la présence de la maladie en Afrique du Nord pour appuyer cette hypothèse. Cela ne veut pas dire qu'il ne se passe rien dans ces zones, mais au contraire que les nombres sous-estiment peut-être la réalité.

Afrique de l'Est

Les analyses génétiques effectuées sur les PPRV ont permis de caractériser certains de ces virus comme appartenant à la lignée III, avec des isolats au Soudan (2000), en Ouganda (2007), et plus récemment en Tanzanie (2008 et 2010). On peut signaler en 2007 une exportation de bovins mais de faible intensité, de l'Ouganda vers la Tanzanie. De plus ces deux pays voisins sont déjà à cette époque membres de IGAD, qui favorise le développement du commerce transfrontalier. Des mouvements intenses de transhumance se produisent par ailleurs entre ces pays.

Le virus de la PPR de lignée IV a été détecté (Kinne et al., 2010) en Arabie Saoudite, aux Emirats Arabes Unis ainsi qu'au Qatar en 2010. La lignée IV a été isolée aussi en Egypte en 2009 et l'arbre phylogénétique montre bien une similitude dans les séquences des deux souches Egyptienne, 2009 et du Qatar, 2010.

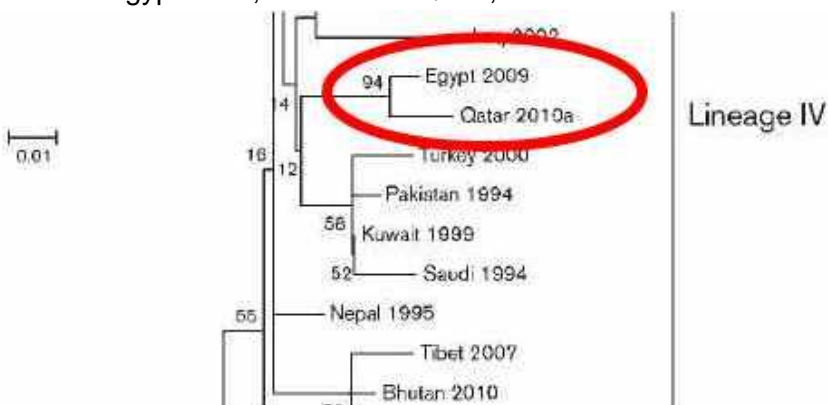


Figure 22 : Extrait d'arbre phylogénétique PPRV

- PPRV a pu se déplacer à travers les routes commerciales à travers le Soudan et l'Egypte et se répandre ainsi dans le Moyen-Orient.
- ou simplement les animaux malades ont pu être exportés directement vers l'Arabie Saoudite, le Qatar et les Emirats Arabes unis car justement en 2009 on observe un important transit au départ de l'Egypte.

D'autres virus de lignée IV ont également été isolés au Soudan en 2000, 2004, 2008 et 2009, au Kenya en 2006 et 2008 et la Somalie a été également affectée par PPRV en 2006 et 2009. Or en 2009, on visualise d'importants flux d'exportation de ruminants de la Somalie et du Soudan vers le Yémen et Oman. En 2010, on trouve la lignée IV au Yémen et à Oman.

La plupart des animaux importés au Yémen et à Oman vient du Kenya et de l’Ethiopie via la Somalie. Le bétail passe par les marchés locaux en Somalie pour se concentrer les ports terminaux de Berbera et de Bossasso (Abdo-Salem, 2010). Le Yémen est également un point de transbordement pour les animaux vers d’autres Etats du Golfe en particulier l’Arabie Saoudite. Alors que les échanges depuis la Somalie vers le Yémen ont été interrompus en 2010, ils ont été maintenus vers Oman et sont signalés comme étant importants. Le Moyen Orient est une véritable plaque tournante du commerce du bétail.

Maladie de Newcastle

Malheureusement, les analyses moléculaires concernant les souches de la maladie de Newcastle circulant en Afrique sont rares.

Néanmoins, on peut signaler des virus de lignée I circulent entre le Nigeria (2006) et le Cameroun (2007) D’autres similitudes (Cattoli et al.2009) ont été mise en évidence entre des souches de Mauritanie (2006) et de côte d’Ivoire (2008).

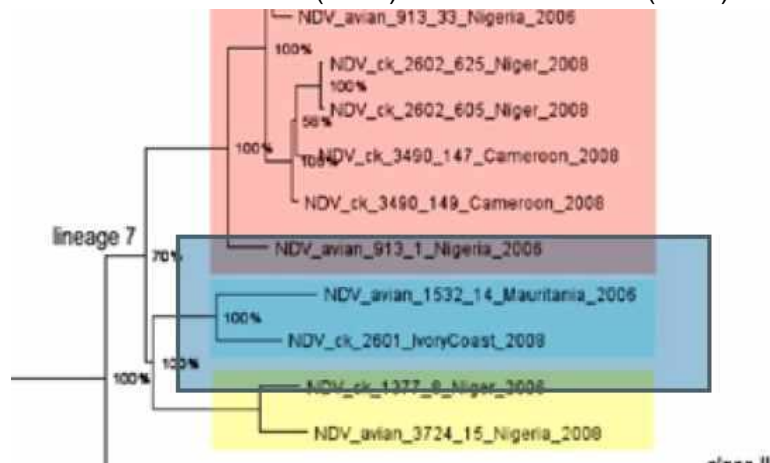


Figure 24 : Extrait d’arbre phylogénétique pour la maladie de la Newcastle

Le commerce d’animaux vivants suit les zones des pays côtiers en fonction de leur taille de la population et de leur puissance économique dans la région économie. Le Nigeria et la Côte d’Ivoire constituent deux centres commerciaux très important dans la région. Les animaux de la zone «Nigeria» viennent du Tchad, du Niger, Soudan, République centrafricaine, du Mali et du Burkina Faso pour fournir le Cameroun, le Bénin et le Togo. De par la proximité géographique, les liens commerciaux entre ces pays, cette zone du pourtour du golfe de Guinée, sont des zones d’origine possible du danger. Mais même si les flux physiques existent, on sait que des mesures sanitaires (OIE) ont été mises en place.

Discussion

Simplicité et Lisibilité

Le « Web Mapping » (cartographie en ligne) allié à des Scripts (JavaScript) fonctionne comme un outil interactif. L'intérêt du JavaScript est sa capacité à réagir à des événements ne figeant pas la page et les informations. Les SIG, donnent une approche spatiale des informations de types différents (génétiques, marchés, flux commerciaux...), et à différentes échelles.

L'animation conçue pour ce travail permet d'ajouter en plus une dimension temporelle et donne une impression de continuité entre les cartes successives. Pour augmenter encore la lisibilité, le changement de pas de temps (annuel, mensuel) a été lié ici à un niveau d'échelle générant un zoom spatio-temporel. Pour offrir la possibilité de rapprochement visuel de renseignements, les informations peuvent être combinées dynamiquement selon les superpositions souhaitées, sur la période désirée.

Le flux "potentiel de diffusion" (si la maladie est présente dans le pays exportateur mais absente dans le pays importateur) améliore cette lisibilité, simplifie la représentation des flux commerciaux et évite de surcharger la carte. Mais cet indicateur relève de la simplification symbolique et ne tient pas compte de l'intensité des échanges, des changements éventuels induits par différentes actions, événements ou mesures...

Qualité / validité des données

Toutes les difficultés de subsidiarité (échelle et pas de temps différents) et d'hétérogénéité de leurs sources mais aussi du format des données (carte, itinéraires, Excel,...) ont été réglées.

Agents pathogènes

Le problème principal est celui des non-déclarations de foyers et non-caractérisation des pathogènes associés qui induisent des biais importants.

Actuellement, les collections du CIRAD ne contiennent que quelques dizaines de souches pour chacun des agents pathogènes ciblés. Par ailleurs, elles comptent très peu de données mensuelles à exploiter. Selon les régions, pour lesquelles on sait pourtant que le virus ou la bactérie circulent, leurs lignées sont souvent méconnues car les pays n'ont pas toujours l'opportunité de les caractériser au niveau moléculaire. Or tout le système présenté ici repose sur ce génotypage qui permet d'émettre les hypothèses de départ.

Le flux potentiel sera d'autant plus intéressant à utiliser que le nombre de prélèvements collectés et analysés sera élevé.

Si des données sont manquantes cela ne veut pas dire qu'il ne se passe rien dans ces zones, mais que les données, ou leur absence, ne reflètent pas la situation épidémiologique réelle.

Au niveau de l'exploitation de ces informations, on a vu dans les résultats que si les dates entre deux prélèvements sont souvent trop éloignées, (ex : 1980 en Tunisie et 1990 à Oman pour le mycoplasme responsable de la PPCC), il est impossible de proposer un circuit de diffusion possible sur une période trop étendue.

On comprend bien l'importance des réseaux régionaux de santé animale, des laboratoires de référence, et d'une harmonisation de la surveillance permettant d'avoir un échantillonnage correct des pathogènes et donc des données permettant de faire réellement de l'épidémiologie moléculaire.

Données sur la mobilité animale

Au niveau des échanges commerciaux, les pays (ou régions) ne déclarent pas nécessairement leurs statistiques du commerce chaque année, voire jamais pour certains. Par exemple, pour la Lybie, aucune information n'est communiquée.

L'importation illégale n'est pas prise en compte mais ne peut être exclue.

Le commerce illicite est de par sa nature, difficile à quantifier, mais la littérature pour certaines régions du monde montrent que le commerce non réglementé est substantiel (Abiola et al. 2005).

Pour la transhumance, l'information est souvent disponible mais sur certaines zones seulement et éparpillée dans de nombreux organismes et projets de développement pastoraux.

Système d'information

Bien qu'il s'agisse que d'un prototype, la fiabilité de l'information recueillie représente un souci permanent et nécessite une stratégie pour limiter les risques d'erreur.

Pour les données génétiques sur les agents pathogènes, il s'agit d'éviter et repérer les erreurs de saisie ou de transfert des données plutôt que de contrôler les résultats de laboratoire : ce dernier point relève du contrôle de la qualité des analyses de laboratoire, qui n'est pas abordé ici.

Pour contrôler cette étape de saisie et de transfert, un outil a été développé comprenant un tableau interactif de valeurs attributaires des données génétiques sur les agents pathogènes et une carte sur laquelle un symbole correspond à une ligne du tableau. A la sélection d'un élément du tableau, on recentre sur le symbole de la carte et inversement, à la sélection d'un symbole de la carte, on se positionne sur la ligne du tableau correspondant. Les cartes de répartition par lignée présentées précédemment permettent également de rendre une image synthétique et distribuée des données pour vérification.

Pour les données commerciales, le circuit de l'information comporte une complexité et des contraintes qui sont autant de sources d'erreurs dans l'enregistrement des données. La multiplicité des sources de données comporte un risque d'obtenir des informations contradictoires : différence de codage par exemple. Les responsables du système d'information UN Comtrade (UN Comtrade, 2011) ont mis en place des protocoles et des ajustements. Les différences de codage peuvent être dues à divers facteurs, y compris dans l'évaluation, dans le choix d'inclure / exclure certains produits, de calendrier. Par exemple, les données peuvent être fournies selon plusieurs classifications des produits et donc tous les pays ne se basent pas nécessairement sur la classification la plus récente. UN Comtrade ne prend pas en compte les données des pays qui ne se conforment pas à la classification la plus récente. Autre source de disparité, les importations déclarées par un pays ne coïncident pas avec les exportations déclarées par son partenaire commercial. UN Comtrade prend en compte les deux informations.

Intérêt et limites

La méthode permet une représentation des informations à différentes échelles (internationales à régionales) et différents pas de temps (annuel à mensuel). Le système intègre des informations d'origines variées (données génétiques; bases de données internationales, données de mobilité des systèmes d'informations régionaux, d'observatoires filières, de projets de recherche et données de terrain) dans une seule et même plateforme.

Les technologies utilisées sont basées sur des web services en entrée comme en sortie. Cela donne une souplesse pour intégrer de nouvelles données à partir de sources différentes et pour redistribuer l'information selon des standards cartographiques.

Les analyses génomiques approfondies apportent des indicateurs précis de mouvements de virus ou de bactéries à courte ou longue distance. La superposition de ces informations connues avec les déplacements commerciaux des animaux ne se suffit pas à elle-même : il faut faire attention aux interprétations, car de nombreux facteurs entrent en ligne de compte.

De plus, même si ces échanges sont susceptibles d'expliquer une introduction, il faut vérifier les sources des données comme pour l'exemple de la FVR à Madagascar en 2008.

En d'autres termes, en cas d'émergence ou de ré-émergence d'un pathogène dans un territoire indemne ou de statut inconnu, le système d'information peut être utilisé pour orienter les investigations sur l'origine de l'introduction de pathogènes, ou focaliser la surveillance et le contrôle pour éviter d'autres introductions. Cependant, il sera rarement possible de conclure à des relations de cause à effet.

Le fait d'avoir pris en compte 4 pathogènes différents pour le développement de ce prototype, permet d'avoir un échantillonnage des données assez large et surtout une diversité en termes de répartition dans le temps et dans l'espace. Cela démontre l'intérêt d'avoir des données à différentes échelles mais aussi à différents pas de temps, impliquant différentes espèces.

Pour ce qui concerne la mobilité animale, il est nécessaire de développer le système d'information pour tenir compte :

- des zones et périodes d'insécurité, troubles socio-politiques, guerre et guérilla...
- du commerce informel, en s'appuyant sur des enquêtes ad-hoc dans le cadre de réseaux régionaux de santé animale,
- des mouvements de transhumance du bétail en utilisant les données publiées dans le cadre des programmes de développement pastoraux, voire en développant des enquêtes ad hoc.

Toutes ces informations sont de nature dynamique : des changements importants dans la mobilité animale sont attendus sous l'effet des changements climatiques (et plus généralement environnementaux), démographiques et socio-économiques. Il est donc nécessaire qu'elles soient régulièrement mises à jour pour garder leur validité.

Conclusion

Les risques épidémiologiques induits par la mobilité animale sont une réalité et la difficulté à déterminer l'origine des infections est très récurrente. Étant donnée la capacité des agents pathogènes à franchir les frontières, l'analyse moléculaire des souches de virus ou bactérie est un élément important de la surveillance épidémiologique, permettant de prendre des décisions adéquates pour le contrôle des maladies.

Le système d'information développé au cours de ce stage permet de superposer de manière interactive la distribution de plusieurs agents pathogènes avec des couches additionnelles d'informations notamment sur le mouvement d'espèces-hôtes pour aider à la compréhension de leur diffusion.

Les résultats de ce prototype sont encourageants car il met en évidence une corrélation possible confortant des hypothèses sur des émergences. Beaucoup reste à faire pour augmenter le nombre et la nature des informations sur la mobilité animale, ainsi que sur les pathogènes circulants, afin de le rendre réellement opérationnel.

Perspectives :

- Les observatoires « Océan indien » et « Caraïbes » ont besoin d'estimer le risque d'introduction d'agents pathogènes, par les animaux vivant introduits. Ce prototype pourrait être décliné pour s'adapter à ces contextes insulaires. Une étude est par exemple en cours pour identifier les différents sérotypes des virus de la fièvre catarrhale ovine et de la maladie hémorragique épizootique circulant en Guyane pour évaluer les risques sanitaires éventuellement liés à des importations de bovins sur pied en provenance des Antilles françaises (Mac Lachlan et al. 2007). En Océan Indien, des travaux sont en cours pour caractériser les virus de la peste porcine africaine circulant à Madagascar, afin de pouvoir identifier d'éventuelles réintroductions virales dans le futur. De même, des travaux sont en cours dans l'archipel des Comores et à Madagascar pour caractériser les virus de la fièvre de la Vallée du Rift et de la maladie de Newcastle, avec le même objectif.
- Avec le soutien de l'OIE, plusieurs projets de jumelage entre le CIRAD et des laboratoires de diagnostic et Services Vétérinaires du Sud sont en préparation pour améliorer les capacités de surveillance et de lutte des pays en développement. Ces projets comportent un volet de renforcement des activités de surveillance épidémiologique sur un plan régional et l'on peut ainsi s'attendre à une augmentation du nombre des prélèvements parvenant au laboratoire de référence pour confirmation du diagnostic ou caractérisation fine des agents pathogènes en cause. En particulier, un jumelage concernant la PPR est en voie de finalisation avec le Sénégal (Laboratoire National d'Élevage et de Recherche Vétérinaire et Direction des Services Vétérinaires) et le Maroc (Laboratoire Biopharma et Office National de Sécurité Sanitaire des Produits Alimentaires). Ce projet prévoit explicitement la constitution d'un système d'information régional sur l'épidémiologie moléculaire de la peste

des petits ruminants au Maghreb et en Afrique subsaharienne, avec d'une part des informations sur les virus, et d'autre par des données sur la mobilité animale. Ce projet de jumelage s'inscrit dans la logique des réseaux régionaux de santé animale REMESA (Afrique du Nord et Europe du Sud) et RESOLAB (Afrique de l'Ouest et du Centre). Outre le Sénégal et le Maroc, la Mauritanie, le Mali, le Niger, le Tchad et le Soudan devraient être impliqués à terme dans le système d'information.

Annexes

Liste des abréviations

CCPP	Contagious caprine pleuropneumonia
CIRAD	Centre de recherche agronomique pour le développement
CMAEE	Contrôle des maladies animales exotiques et émergentes
COMESA	Marché Commun pour l'Afrique Australe et Orientale
EMPRES	Emergency Prevention Systems
FAO	Food and Agriculture Organization of the United Nations
FEWSNET	Famine Early Warning SystemNetwork (USAID)
FVR	Fièvre de la vallée du Rift
GNU	GNU's Not UNIX
IGAD	Intergovernmental Authority on Development
JSON	JavaScript Object Notation
KML	Keyhole Markup Language
LIMS	Laboratory Information Management System
Mccp	Mycoplasma capricolum subsp. capripneumoniae
OGC	Open Geospatial Consortium
OIE	Organisation mondiale de la santé animale
OMC	Organisation mondiale du commerce
PHP	Hypertext Preprocessor
PPCC	Pleuropneumonie contagieuse caprine
PPR	Peste des petits ruminants
PPRV	Virus de la peste des petits ruminants
TAD-Info	Transboundary Animal Disease Information System
UMR	Unité Mixte de Recherche
USAID	United States Agency for International Development
WS	Web Services

Liste des figures et tableaux

Figure 1 : FEWS-NET Circuits commerciaux du bétail 2011.	8
Figure 2 : Mouvements animaux dans la zone MTM dans le cadre du projet FMD. FAO/OIE	9
Figure 3 : Cartes sur la mobilité animale dans le cadre du projet Aciar	10
Figure 4 : Simplification des flux. Tobler, W. 2003.....	10
Figure 5 : HERXLM Shéma (Gao S.a., 2009).....	11
Figure 6 : Distribution des lignées pour la PPR depuis 1999	23
Figure 7 : Distribution des groupes pour la PPCC depuis 1990.....	24
Figure 8: Distribution des groupes pour la Newcastle depuis 1990	24
Figure 9 : Distribution des groupes pour la FVR depuis 2000.....	25
Figure 10 Similitudes des souches kenyanes et malgaches.....	27
Figure 11 : Architecture de la solution	28
Figure 12 : Structure des données génétiques.....	30
Figure 13 : Structuration des données.	30
Figure 14 : Les SIG et la superposition de couches	32
Figure 15 : Détermination du « flux de risque potentiel».....	33
Figure 16 : Marchés et Souches FVR en 2007.....	34
Figure 17 : Flux potentiel de diffusion, 2007	35
Figure 18 : Arbre phylogénique FVR	35
Figure 19 : Localisation des souches FVR à Madagascar en 2008	35
Figure 20 : Suivi des prélèvements mois par mois, Madagascar, 2008	36
Figure 21 : Localisation des souches PPRV, 2010, Sénégal.....	38
Figure 22 : Extrait d'arbre phylogénique PPRV	39
Figure 23 : Flux d'exportation entre la corne de l'Afrique et la péninsule arabique en 2009.....	40
Figure 24 : Extrait d'arbre phylogénique pour la maladie de la Newcastle.....	41
Tableau 1 : Les différentes sources de données.	21
Tableau 2 : Classification des animaux vivants selon UNCOMTRADE	26
Tableau 3 : Panorama des différents systèmes d'information sur la mobilité animale.	51

Systèmes d'information des marchés

Nom	Zone	Période	Format	Intérêt	Commentaires
FEWNET http://www.fews.net/pages/markettrade.aspx?loc=3&l=fr	Afrique Ouest /Est	2011 (+.SHP archive .PDF s)	***		Bien actualisé. Marchés, volume et circuits commerciaux
World Integrated Trade Solution (WITS) :	Monde	80- 2009	XLS, CSV	*	Indicateurs commerciaux globaux Assez incomplet
UN Comtrade http://comtrade.un.org/db/dqBasicQueryResults.aspx	Monde	96- 2009	Web service s .SDMX .XLS	***	Interface puissante Mises à jour récentes Indicateurs commerciaux par espèces, année, pays et partenaires.
World bank	Monde	60- 2010	.CSV .XLS		Nouvelle version en développement Indicateurs commerciaux globaux, Tarifs Source UNCOMTRADE
UNCTAD - TRAINS (Trade Analysis and Information System)	Monde	80- 2010	*.XLS	*	Basé sur WTIS
FAOSTATS	Monde	61- 2009	.XLS .XML	**	Dernière mise à jour 2009. Pas actualisé récemment. Incomplet (pays manquants) Interface puissante Indicateurs commerciaux par espèces, année, pays, partenaires.
FAO Geonetwork	Monde	- 2011	.SHP	***	Portail des données spatiales de la FAO Densités bétail, NDVI, pluies, systèmes pastoraux...
AGA	Monde		.KLZ	*	FAO. Densités des populations (animales)
AMAD	Monde	95- 2005	.MDB		Indicateurs commerciaux globaux. Sources UNCOMTRADE, FAO.

CountryStats	Afrique incomplet	-2009	.XLS .TXT .XML	*	Effectifs d'animaux sauvages pour certains pays Statistiques FAO par pays
LINKS CRSP Système de Connaissance du Réseau d'Information du Bétail http://links.tamu.edu/lmis/marketChain.htm?action=getGraphs	Ethiopie, Tanzanie, Kenya	2009- 2011	.KML		LINKS : Marchés et circuits commerciaux Limité à l'Ethiopie, Tanzanie, Kenya Même outils que pour le Mali Nouvelle interface depuis avril 2011
SIMB Système d'information des marchés sur le bétail	Afrique Ouest				LINKS Plus de Mise à jour
Malibetail (links) http://www.malibetail.net/	Mali	1990- 2011	.KML	*	LINKS limité au Mali Outil équivalent en développement pour d'autres pays de l'Afrique de l'Ouest.
CMA/AOC http://www.cmaoc.org	Afrique ouest centre	91- et2008	.XLS Web	*	Nombreux bugs.
COMESA Cross Border Trade Associations	Afrique l'Est Afrique Sud	de1997- et2010 du	.PDF	*	Indicateurs statistiques commerciales globales Cultures
ACTESA	Afrique l'Est Afrique Sud	de-2011 et du	Rapports		Basé sur l'IGAD Uniquement rapports en ligne.
Agence Nationale de la Statistique / pays Afrique du Sud: http://www.statssa.gov.za Algérie: http://www.ons.dz/ Cap-Vert: http://www.ine.cv Égypte: http://www.sis.gov.eg Madagascar: http://www.instat.mg/ Maroc: http://www.statistic.gov.ma Maurice: http://ncb.intnet.mu/cso.htm Mozambique: http://www.ine.gov.mz Tunisie: http://www.ins.nat.tn		-2011	.XLS .DOC		Beaucoup de pays proposent leurs statistiques en ligne mais fournissent des indicateurs plutôt que des chiffres par pays, année et espèces.
SVS network	Afrique l'Ouest	de91- 2007	WMS		Cultures, NDVI, Pluies
Iqad Livestock Information Portal	Afrique l'Est	de-2011	.SHP	**	Limité à quelques pays de l'Afrique de l'Est Marchés. Infrastructures...

RESIMAO	Afrique de l'ouest	2011	Rapports	Statistiques des prix des agences officielles de l'Afrique de l'Ouest
OECD	Afrique de l'ouest		.PDF	Nouvelle version prochainement Marchés
Reseau Bilital (sim betail)	Afrique de l'ouest	de2006	.rapports	Pas de mise à jour actualisée
Ratin ,	Kenya, Ouganda, Rwanda, Tanzanie			Céréales (pas de bétail)
InfoComm , MISTOWA ,	Parties monde	03-2010		Céréales (pas de bétail)
agritrade	Afrique de l'Ouest			Fermé
CITES http://www.unep-wcmc-apps.org/c				Base de données sur le commerce des animaux sauvages

Tableau 3 : Panorama des différents systèmes d'information sur la mobilité animale.

Bibliothèques de couches (layers) SIG

IUCN protected areas: World Database on Protected Areas (WDPA) 2007 web-download, UNEP-WCMC and IUCN World Commission on Protected Areas December 2007. <http://www.wdpa.org/>

Administrative boundaries: Global Administrative Unit Layers (GAUL), 2006

http://geonetwork3.fao.org/cgi-bin/wms?map=/usr/local/geonetwork_data/geonetwork_fao_wms/12600-12699/12691/12691_0level.map&SERVICE=WMS&VERSION=1.1.1&REQUEST=GetMap&SRS=EPSG:4326&STYLES=&BBOX=-180,-90,180,90&FORMAT=image/png&LAYERS=gaul_country_level&TRANSPARENT=true&WIDTH=600&HEIGHT=300

Inland waters: FAO-GeoNetwork. Perennial inland water areas (> 25 km²) of the world extracted from Vector Map Level 0 and converted to Arc/Info format by FAO/GIS. Vector Map (VMap) Level 0 is an updated and improved version Digital Chart of the World (DCW).

Climatic zones: FAO and IIASA, 2007. Mapping biophysical factors that influence agricultural production and rural vulnerability

Length of growing period (LGP): FAO and IIASA, 2007. Mapping biophysical factors that influence agricultural production and rural vulnerability

GLOBAL LAND COVER 2000: Global Land Cover 2000 database. European Commission, Joint Research Centre, 2003. <http://www.tem.jrc.it/glc2000/defaultGLC2000.htm>

GRIDDED POPULATION OF THE WORLD 2005: Center for International Earth Science Information Network (CIESIN), Columbia University; United Nations Food and Agriculture Programme (FAO); and Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT). 2005. Gridded Population of the World: Future Estimates (GPWE). Palisades, NY. <http://sedac.ciesin.columbia.edu/gpw/>

LIVESTOCK PRODUCTION SYSTEMS - FAO/ILRI: Global Livestock Production System FAO/ILRI(2008).http://www.fao.org/AG/AGAInfo/resources/en/glw/GLW_prod-sys.html

Global buffalo density (2005): The Gridded Livestock of the World FAO (2007). Predicted-2005 (adjusted to match FAOSTAT 2005 national totals).

http://www.fao.org/AG/AGAInfo/resources/en/glw/GLW_dens.html

Global cattle density (2005): The Gridded Livestock of the World FAO (2007). Predicted-2005 (adjusted to match FAOSTAT 2005 national totals).

http://www.fao.org/AG/AGAInfo/resources/en/glw/GLW_dens.html

Global goat density (2005): The Gridded Livestock of the World FAO (2007). Predicted-2005 (adjusted to match FAOSTAT 2005 national totals). http://www.fao.org/AG/AGAInfo/resources/en/glw/GLW_dens.html

Global pig density (2005): The Gridded Livestock of the World FAO (2007). Predicted-2005 (adjusted to match FAOSTAT 2005 national totals). http://www.fao.org/AG/AGAInfo/resources/en/glw/GLW_dens.html

Global poultry density (2005): The Gridded Livestock of the World FAO (2007). Predicted-2005 (adjusted to match FAOSTAT 2005 national totals).

http://www.fao.org/AG/AGAInfo/resources/en/glw/GLW_dens.html

Global sheep density (2005): The Gridded Livestock of the World FAO (2007). Predicted-2005 (adjusted to match FAOSTAT 2005 national totals).

http://www.fao.org/AG/AGAInfo/resources/en/glw/GLW_dens.html

Global small ruminant density (2005): The Gridded Livestock of the World FAO (2007). Predicted-2005 (adjusted to match FAOSTAT 2005 national totals).

http://www.fao.org/AG/AGAInfo/resources/en/glw/GLW_dens.html

Administrative boundaries, water, highways du monde entier : <http://downloads.cloudmade.com/africa>

Extraits de Genbank

http://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/FJ772446	
AUTHORS	Cattoli,G., Fusaro,A., Monne,I., Molia,S., Le Menach,A., Maregeya,B., Nchare,A., Bangana,I., Maina,A.G., Koffi,J.N., Thiam,H., Bezeid,O.E., Salviato,A., Nisi,R., Terregino,C. and Capua,I.
TITLE	Emergence of a new genetic lineage of Newcastle disease virus in West and Central Africa--implications for diagnosis and control
JOURNAL	Vet. Microbiol. 142 (3-4), 168-176 (2010)
PUBMED	19939590
REFERENCE	2 (bases 1 to 1662)
AUTHORS	Fusaro,A., Salviato,A., Monne,I., Capua,I. and Cattoli,G.
TITLE	Direct Submission
JOURNAL	Submitted (20-FEB-2009) Research & Development Department, Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie, OIE/FAO and National Reference Laboratory for Newcastle Disease and Avian Influenza, OIE Collaborating Centre for Epidemiology, Training and Control of Emerging Avian Diseases, Viale dell'Universita' 10, Legnaro, Padova 35020, Italy
FEATURES	Location/Qualifiers
source	1..1662 /organism="Newcastle disease virus" /mol_type="viral cRNA" /strain="avian-913-1-Nigeria-2006" /host="avian" /db_xref="taxon:11176" /country="Nigeria" /collection_date="2006"
gene	1..1662 /gene="F"
CDS	1..1662 /gene="F" /codon_start=1 /product="fusion protein" /protein_id="ACW83551.1" /db_xref="GI:259879772" /translation="MGSKPSTRTPVSLMPIVQIMLVLSVYMTSSLDGRPLAAAGIVI TGDKAVKIYTSSTGSIIVKLLPNMPKDKACAKAPLEAYNRTLTLTLPGLDSIHRI QGSVSTSGGRRQKRFIGAVIGSVALGVATAAQITAAAALIQANQMAANILRLKESIAA TNEAVHEVTDGLSOLAVAVGKMQQFVNDQFNNTARELDCIKITQQVGVELNLYLTELT TVFGPQITSPALTQLTIQALYNLAGGNMDYLLTKLGVGNNQLSSLIGSLITGYPILY DSQTQLLGIQVNLPSVGNLNNMRATYLETLVSTTKGFASALVPKVVTQVGSVIEELD TSYCIESDLDLYCTRIYTFPMSPGIYSCLSGNTSACMYSKTEGALTTPYMALKGSVIA